

①⑨ RÉPUBLIQUE FRANÇAISE
INSTITUT NATIONAL
DE LA PROPRIÉTÉ INDUSTRIELLE
PARIS

①⑪ N° de publication : 2 823 218
(à n'utiliser que pour les
commandes de reproduction)

②① N° d'enregistrement national : 01 04599

⑤① Int Cl⁷ : C 12 N 7/00, C 12 N 15/40, 15/85, 5/10, C 07 K 14/18,
16/10, C 12 Q 1/68, 1/70, G 01 N 33/569

⑫ DEMANDE DE BREVET D'INVENTION

A1

②② Date de dépôt : 04.04.01.

③⑦ Priorité :

④③ Date de mise à la disposition du public de la
demande : 11.10.02 Bulletin 02/41.

⑤⑥ Liste des documents cités dans le rapport de
recherche préliminaire : *Se reporter à la fin du
présent fascicule*

⑥⑦ Références à d'autres documents nationaux
apparentés :

⑦① Demandeur(s) : INSTITUT PASTEUR — FR.

⑦② Inventeur(s) : DESPRES PHILIPPE, DEUBEL
VINCENT, GUENET JEAN LOUIS, DROUET MARIE
THERESE, MALKINSON MERTYN, BANET
CAROLINE, FRENKIEL MARIE PASCALE, COURA-
GEOT MARIE PIERRE, COULIBALY FASSELI, CAT-
TEAU ADELIN, FLAMAND MARIE, WEBER PATRICK
et CECCALDI PIERRE EMMANUEL.

⑦③ Titulaire(s) :

⑦④ Mandataire(s) : CABINET ORES.

⑤④ SOUCHE NEUROVIRULENTE DU VIRUS WEST NILE ET SES APPLICATIONS.

⑤⑦ Souche neuroinvasive et neurovirulente du virus West
Nile, dénommée IS-98-ST1, molécules d'acide nucléique is-
sues de son génome, protéines et peptides codés par lesdi-
tes molécules d'acide nucléique ainsi que leurs
applications.

FR 2 823 218 - A1



SOUCHE NEUROVIRULENTE DU VIRUS WEST NILE ET SES APPLICATIONS

La présente invention est relative à une souche neuroinvasive et neurovirulente du virus West Nile, dénommée IS-98-ST1, à des molécules d'acide nucléique issues de son génome, aux protéines et peptides codés par lesdites
5 molécules d'acide nucléique ainsi qu'à leurs applications.

La présente invention concerne également tous variants de la souche virale IS-98-ST1 ayant au moins une mutation dans la séquence nucléique correspondant à NS5.

10 La famille des *Flaviviridae* regroupe les virus du genre flavivirus responsables de pathologies humaines graves telles que la dengue, la fièvre jaune, les encéphalites transmises par les tiques, l'encéphalite japonaise, l'encéphalite à West Nile et les virus des hépatites C et G. Si les flavivirus sont susceptibles de provoquer une morbidité et une mortalité importantes chez l'homme, l'infection est généralement
15 asymptomatique et seule une fraction des individus infectés développent une maladie grave.

Les flavivirus sont des petits virus enveloppés. Leur génome est une molécule d'ARN monocaténaire de polarité positive d'environ 11 000 bases. L'ARN génomique est associé à plusieurs copies de la protéine de capsid C pour former la
20 nucléocapside; elle est entourée d'une enveloppe virale constituée d'une double couche lipidique issue des membranes du réticulum endoplasmique (RE) dans lesquelles sont ancrées la protéine d'enveloppe E et la protéine de membrane M. L'ARN génomique des flavivirus contient un unique cadre de lecture ouvert d'environ 10500 nucléotides flanqué de deux courtes régions non codantes à ses extrémités 5' et 3'. Le génome est
25 traduit en une polyprotéine d'environ 3400 acides aminés qui est le précurseur des protéines structurales C, prM (le précurseur intracellulaire de M) et E dans sa partie N-terminale et d'au moins sept protéines non structurales (NS) de NS1 à NS5 dans sa partie C-terminale.

Jusque très récemment, le virus West Nile était reconnu comme un
30 virus peu pathogène, responsable d'un syndrome grippal et présent en Afrique, en Europe du Sud et au Moyen Orient; il a été isolé au cours d'épidémies, survenues notamment en Israël dans les années 1950 et en Afrique du Sud dans les années 1970.

Très récemment, l'épidémiologie du virus West Nile s'est modifiée et un nombre croissant de cas d'encéphalites a été observé aux cours des épidémies survenues en Roumanie en 1996, en Israël en 1998 et aux USA en 1999.

Des souches pathogènes ont été isolées lors de ces épidémies, en particulier la souche NY1999 (GenBank n°AF202541), dont la pathogénicité serait corrélée à la présence d'un site de glycosylation NTS dans la protéine d'enveloppe E (Jordan et al., *Viral Immunol.*, 2000, 13, 4, 435-446).

Des facteurs viraux mal identifiés pourraient être responsables de la gravité de l'infection, alors que la constitution génétique de l'hôte (humain ou non-humain) contribuerait à la résistance à l'infection.

Toutefois, les données relatives à ces souches pathogènes récemment isolées n'ont pas permis de déterminer tous les facteurs viraux et les gènes de l'hôte impliqués dans la sensibilité/résistance à l'infection par les *Flaviviridae*.

Des modèles murins ont permis d'établir l'existence d'une résistance génétique à l'infection par les flavivirus. Il a été montré que certaines lignées de souris récemment dérivées de l'état sauvage et appartenant aux espèces *Mus musculus musculus* ou *Mus spretus* (Det, BSVR, BRVR, PRI, CASA/Rk et CAST/Ei) sont résistantes à l'infection par les flavivirus, alors que les lignées consanguines de laboratoire les plus courantes qui dérivent majoritairement de l'espèce *Mus musculus domesticus*, n'y résistent pas (Sangster et al., *J. Virol.*, 1993, 67 : 340-347).

La résistance est contrôlée par au moins un locus autosomal dénommé *Flv*, localisé sur le chromosome 5, chez la souris et trois allèles *Flv^s*, *Flv^r* et *Flv^{mr}* confèrent respectivement la sensibilité, la résistance et la résistance intermédiaire à l'infection par les flavivirus. En utilisant une souche du flavivirus de l'encéphalite de la Vallée de Murray et des souris issues du croisement retour de la lignée de souris résistante C3H/RV avec les lignées de souris sensibles C3/He ou BALB/c, le locus *Flv* a été localisé dans une région de 0,9 cM du chromosome 5, chez la souris, entre les marqueurs *D5Mit68* et *D5Mit242* (G.R. Shellam et al., *Rev. Sci. Tech. Off. Epiz.*, 1998, 17 : 231-248.).

Les Inventeurs ont maintenant isolé une nouvelle souche du virus West Nile, à partir d'échantillons prélevés sur des cigognes en Israël (dans la ville d'Eilat) en septembre 1998, qui a été sélectionnée pour l'étude de la résis-

tance/sensibilité d'un hôte (mammifère humain ou non-humain) à l'infection par les virus de la famille des *Flaviviridae*.

Conformément à l'invention, ladite souche neurovirulente et neuroinvasive du virus West Nile isolée, dénommée IS-98-ST1, est caractérisée en ce
5 que son génome est constitué par la séquence SEQ ID NO :1.

Les Inventeurs ont notamment montré que les souris de laboratoire sont extrêmement sensibles à l'infection par la souche IS-98-ST1 alors que les souris des lignées SEG, WMP, STF et MAI qui dérivent de souris sauvages appartenant à des espèces différentes bien que du même genre *Mus*, sont complètement résistantes à
10 l'infection par cette souche ; une inoculation par voie intrapéritonéale de 100 UFF (Unités Formant Foyer ; UFF:DL50 = 10) est mortelle à 100 % pour les souris de laboratoire, alors que les souris sauvages ne présentent aucun symptôme ; en outre, le virus se réplique chez ces souris, comme le montre l'apparition d'anticorps sériques spécifiques.

15 La présente invention a également pour objet des réactifs, dérivés de la souche IS-98-ST1, utilisés pour l'étude et le diagnostic des infections par les *Flaviviridae*, lesquels réactifs sont sélectionnés dans le groupe constitué par les réactifs suivants :

(a) une molécule d'acide nucléique choisie parmi la séquence SEQ
20 ID NO :1, les fragments d'au moins 15 nucléotides de la séquence SEQ ID NO :1 et les séquences complémentaires sens et anti-sens des séquences précédentes.

(b) un vecteur recombinant comprenant une molécule d'acide nucléique telle que définie en (a),

(c) une cellule transformée par une molécule d'acide nucléique telle
25 que définie en (a), un vecteur tel que défini en (b) ou une souche neurovirulente du virus West Nile telle que définie en (a),

(d) une protéine ou un peptide codé par une molécule d'acide nucléique telle que définie en (a),

(e) un anticorps polyclonal, susceptible d'être obtenu par immunisa-
30 tion d'un mammifère non-humain avec la souche IS-98-ST1 du virus West Nile telle que définie ci-dessus ; de manière préférée, ledit mammifère non-humain est une souris homozygote pour l'allèle *Flv*, résistante à l'infection par les *Flaviviridae*, et

(f) un anticorps polyclonal ou monoclonal, susceptible d'être obtenu par immunisation d'un mammifère non-humain avec un vecteur recombinant tel que défini en (b) ou bien une protéine ou un peptide, tels que définis en (d).

Ces différents réactifs sont préparés et utilisés selon les techniques classiques de biologie moléculaire et d'immunologie, en suivant les protocoles standards tels que ceux décrits dans *Current Protocols in Molecular Biology* (Frederick M. AUSUBEL, 2000, Wiley and son Inc, Library of Congress, USA) et dans *Current Protocols in Immunology* (John E. Coligan, 2000, Wiley and Son Inc. Library of Congress, USA).

Les fragments d'acides nucléiques tels que définis ci-dessus sont utilisés par exemple comme sonde ou comme amorce pour le diagnostic d'une infection par le virus West Nile ; l'infection est détectée par exemple par PCR et/ou par hybridation, à partir des acides nucléiques extraits d'un échantillon biologique prélevé chez un individu susceptible d'être infecté ou un animal de laboratoire inoculé par ledit virus.

Selon un mode de réalisation avantageux desdits fragments, ils comprennent au moins 15 nucléotides de la SEQ ID NO:1 en amont ou en aval de l'un des codons en position suivante :

- codon Ala (A) en position 51 de la protéine E,
- codon Asp (N) en position 17 de la protéine NS1,
- codon Arg (R) en position 164 de la protéine NS2A,
- codons Gly (G) en position 82 et Glu (E) en position 83 de la protéine NS2B,
- codons Pro (P) en position 496 et Glu (E) en position 521 de la protéine NS3, et
- codons Ser (S) en position 54, Asp (N) en position 280 et Ala (A) en position 372 de NS5.

De tels fragments sont utiles comme amorces pour amplifier des fragments contenant lesdits codons.

De manière préférée, lesdits fragments sont situés entre 10 et 100 nucléotides en amont ou en aval desdits codons.

Selon un autre mode de réalisation avantageux desdits fragments, ils sont constitués par les fragments comprenant les codons précités et comprennent de préférence entre 50 et 200 nucléotides.

Les vecteurs recombinants tels que définis ci-dessus, en particulier
5 les vecteurs d'expression et les cellules transformées par lesdits vecteurs d'expression sont avantageusement utilisés pour la production des protéines et des peptides correspondants.

Lesdites protéines et lesdits peptides, qui sont aptes à être reconnus et/ou à induire la production d'anticorps spécifiques du virus West Nile, en particulier
10 de souches neurovirulentes, sont utiles pour le diagnostic d'une infection par un virus West Nile ; l'infection est détectée par une technique appropriée, notamment EIA, ELISA, RIA, immunofluorescence à partir d'un échantillon biologique prélevé chez un individu susceptible d'être infecté ou un animal de laboratoire inoculé par ledit virus. Les protéines et les peptides tels que définis ci-dessus sont également utilisés
15 pour la recherche de partenaires cellulaires de ces protéines virales susceptibles d'être impliqués dans la pathogénicité (neurovirulence) du virus West Nile ; ces partenaires sont identifiés par des techniques d'immunoaffinité, par exemple par chromatographie sur colonne d'immunoaffinité.

Les anticorps selon l'invention sont utiles pour le diagnostic d'une
20 infection par un virus West Nile en particulier des souches neurovirulentes ; l'infection est détectée par une technique appropriée, notamment EIA, ELISA, RIA, immunofluorescence à partir d'un échantillon biologique prélevé chez un individu susceptible d'être infecté ou un animal de laboratoire inoculé par ledit virus. Parmi ceux-ci, les anticorps produits par immunisation de souris *FlV/FlV* avec la souche IS-
25 98-ST1 possèdent avantageusement un titre élevé et une très grande spécificité pour le virus West Nile.

Les cellules transformées selon l'invention, en particulier les cellules neurales (neurones et cellules endothéliales) infectées par une souche neurovirulente telle que définie ci-dessus, sont utilisées pour identifier les gènes issus de ces cellules
30 dont l'expression pourrait être modulée au cours de l'infection virale ; ces gènes sont détectés par exemple par la technologie des biopuces, selon les protocoles classiques

tels que décrits dans « Atlas Mouse Arrays (#membranes) ATLASTM NYLON cDNA EXPRESSION ARRAYS (CLONTECH, USA).

La présente invention a également pour objet un modèle d'étude de la sensibilité/résistance à l'infection par un virus de la famille des *Flaviviridae*, caractérisé en ce qu'il comprend au moins une souche neurovirulente du virus West Nile telle que définie ci-dessus.

Selon un mode de réalisation avantageux dudit modèle, il comprend en outre une souris homozygote pour l'allèle *Flv*^r ou *Flv*^s.

La présente invention a également pour objet un procédé de détection d'une infection à *Flaviviridae*, notamment du virus West Nile, caractérisé en ce qu'il comprend :

- l'amplification des ARN issus d'un échantillon biologique à tester à l'aide des amorces telles que définies ci-dessus, et
- le séquençage du produit d'amplification obtenu.

Une telle détection peut avantageusement permettre le pronostic de la sévérité d'une encéphalite virale à virus West Nile.

La souche neurovirulente du virus West Nile selon l'invention est utilisée pour le criblage de gènes cellulaires impliqués dans la résistance d'un mammifère à l'infection par un virus de la famille des *Flaviviridae*, de préférence le virus de l'hépatite C.

De manière avantageuse, ledit procédé de criblage comprend les étapes suivantes :

- mise en culture de cellules dérivées d'un hôte (humain ou non-humain) sélectionné pour sa résistance ou sa sensibilité à l'infection par un *Flaviviridae*,
- infection *in vitro* desdites cellules par un *Flaviviridae*, et
- détection de gènes exprimés de manière différentielle dans lesdites cellules infectées.

Conformément à l'invention, ladite détection peut comprendre l'établissement du profil de transcrits ou de protéines à partir desdites cellules.

La présente invention a également pour objet l'utilisation du modèle tel que défini ci-dessus pour le tri de molécules actives contre une infection virale due à un virus de la famille des *Flaviviridae*.

La présente invention a en outre pour objet un procédé de tri de
5 molécules actives contre une infection par un Flavivirus, caractérisé par :

- la mise en contact d'une culture de cellules eucaryotes, issues d'un mammifère (humain ou non-humain) sensible à l'infection à un *Flaviviridae* avec une suspension virale de la souche selon la revendication 1, en présence ou en l'absence de la molécule à tester et
- 10 - détection de l'amplification/réplication du virus, par toute méthode connue (quantification génome, ARNm, protéines, particules virales).

Outre les dispositions qui précèdent, l'invention comprend encore d'autres dispositions, qui ressortiront de la description qui va suivre, qui se réfère à des exemples de mise en œuvre de l'objet de la présente invention, avec références aux
15 dessins annexés dans lesquels :

- les figures 1A à 1E représentent la comparaison de la séquence en acides aminés des protéines virales de la souche IS-98-ST1 et de la souche New York (NY99 ; Genbank AF196835) isolée lors de l'épidémie de 1999 aux Etats-Unis,
- la figure 2 représente la cinétique de mortalité et la cinétique
20 d'apparition des anticorps sériques spécifiques chez des souris sensibles *Flv^s/Flv^s* (BALB/c), infectées par la souche IS-98-ST1 du virus West Nile,
- la figure 3 représente la cinétique de propagation de la souche IS-98-ST1 dans le système nerveux central des souris sensibles *Flv^s/Flv^s* (BALB/c),
- les figures 4 (A, B et C) représentent la cinétique d'apparition des
25 antigènes viraux dans les cellules Neuro 2a et les neurones primaires de souris sensibles (BALB/c) infectées par le virus West Nile (souche IS-98-ST1),
- la figure 5 représente la mort par nécrose des cellules Neuro 2a infectées par le virus West Nile (souche IS-98-ST1),
- la figure 6 représente le protocole expérimental utilisé pour préci-
30 ser la localisation du locus *Flv* sur le chromosome 5 de la souris,
- la figure 7 représente la carte génétique du locus *Flv*, déterminée à partir de souris sensibles, issues du premier croisement en retour entre les lignées

résistantes (MAI/Pas et MBT/Pas) et les lignées sensibles (C57BL/6 ou BALB/c). Les boîtes blanches représentent les allèles BALB/c ou C57BL/6 et les boîtes noires représentent les allèles MAI/Pas ou MBT/Pas.

- la figure 8 représente la carte génétique du locus *Flv* déterminée à partir des souris résistantes et sensibles, issues du premier croisement en retour (BC1) entre les lignées résistantes (MAI/Pas et MBT/Pas) et les lignées sensibles (C57BL/6 et BALB/c). Les lignes grisées représentent les allèles (BALB/c ou C57BL/6) et les lignes noires représentent les allèles MAI/Pas ou MBT/Pas,

- la figure 9 représente la carte génétique et la carte physique du locus *Flv* et la position du gène OAS dans ce locus, et

- la figure 10 représente la distribution des allèles *Flv* chez les souris résistantes et sensibles issues du premier croisement en retour (BC1) entre les lignées résistantes (MAI/Pas et MBT/Pas) et les lignées sensibles (C57BL/6 et BALB/c).

Exemple 1 : Isolement, amplification, purification et titration de la souche neuroinvasive du virus West Nile IS-98-ST1

Un isolat du virus West Nile (WN) a été obtenu à partir du système nerveux central d'une cigogne manifestant des troubles neuropathologiques sévères, en septembre 1998, à Eilat (Israël). L'infection de cellules VERO par cet isolat est cytotytique et l'immunofluorescence indirecte avec un ascite de souris immun spécifique du virus West Nile (souche de référence WN 8907) est positive à 100 %. Le virus produit sur cellules VERO a été récolté et amplifié sur cellules de moustiques AP61 (Després et al., Virol., 1993, 196, 209-219).

Le Passage 1 (ou P1) du virus WN sur cellules AP61 a été récolté 3 jours après l'infection ; il possède un titre de $2,5 \times 10^8$ UFF/ml (Unité Formant Foyer) par la technique de titration sur cellules AP61 décrite dans Després et al (précité). L'inoculum P1 du virus WN sur cellules AP61 a été identifié comme la souche IS-98-ST1.

Un P2 a été obtenu à partir de cellules AP61 infectées par la souche IS-98-ST1, P1 (titre: 6×10^7 UFF/ml). L'inoculum P2 de IS-98-ST1 est utilisé pour les épreuves de sensibilité à l'infection virale chez des souris adultes.

Un inoculum viral P3 de la souche IS-98-ST1 avec un titre de 5×10^7 UFF/ml a été produit sur cellules AP61. Une préparation virale hautement puri-

fiée, préparée selon le protocole de purification des flavivirions décrit dans Després et al., 1993) a été obtenue à partir de 20 boîtes de 150 cm² de cellules AP61 récoltées 3 jours après l'infection par l'inoculum P3 du virus WN souche IS-98-ST1 (multiplicité d'infection de 0,4). La souche IS-98-ST1 purifiée en gradients de saccharose a un titre
 5 final de 2×10^{10} UFF/ml. Les ARN extraits de ce virus purifié sont utilisés pour amplifier les ADNc correspondant aux protéines virales C, prM et NS1 ou aux séquences non codantes aux extrémités 5' et 3' du génome viral.

Exemple 2 : Séquençage du génome de la souche neuroinvasive IS-98-ST1

Le génome viral a été extrait à partir du surnageant de culture des
 10 cellules VERO infectées de l'exemple 1 à l'aide du kit "QIAamp Viral RNA" (QIAGEN), en suivant les instructions du fabricant. 6 produits RT-PCR chevauchants ont été amplifiés à partir de ces ARNs en utilisant les amorces décrites par Lanciotti et al. (Science, 199, 286 :2333-). Les extrémités 5' et 3' du génome viral ont été amplifiées à l'aide d'amorces synthétisées d'après la séquence de la souche WN-NY99
 15 (Genbank n° AF202541). Les ADNc obtenus ont été purifiés par chromatographie échangeuse d'ions et précipités dans 2 volumes d'isopropanol. Ensuite les ADNc ont été séquencés sur les deux brins en utilisant le kit "Taq Dye Deoxy Terminator Cycle Sequencing" (PERKIN ELMER CORP./APPLIED BIOSYSTEM) et les amorces espacées de 400 paires de bases sur le génome viral (Lanciotti et al., précité). Le
 20 séquençage a été réalisé avec 0,2 pmoles d'ADNc purifié et 30 pmoles d'amorces, en suivant le protocole recommandé par le fabricant. L'alignement des séquences est réalisé à l'aide du logiciel CLUSTAL W.

La séquence génomique complète de la souche IS-98-ST1 du virus West Nile correspond à la séquence SEQ ID NO :1.

25 L'alignement des séquences en acides aminés de la souche IS-98-ST1 et de la souche NY99, présentée à la figure 1, montre que la souche IS-98-ST1 isolée en Israël en 1998 et la souche NY-99 isolée à New York en 1999 sont très proches (divergence de moins de 0,2% au niveau des séquences en acides aminés).

Cependant, les différences observées dans la souche IS-98-ST1,
 30 respectivement dans les protéines E (A₅₁), NS1 (N₁₇), NS2A (R₁₆₄), NS2B (G₈₂, E₈₃), NS3 (P₄₉₆, E₅₂₁) et NS5 (S₅₄, N₂₈₀, A₃₇₂) sont potentiellement responsables de la neurovirulence et des propriétés neuroinvasives observées avec cette souche et peuvent

servir de marqueur de virulence du virus West Nile.

Exemple 3 : Clonage des protéines de la souche neuroinvasive IS-98-ST1 et utilisations des plasmides recombinants obtenus.

1- La protéine C

5 L'ARN génomique extrait des virions IS-98-ST1 purifiés sur gradients de saccharose décrits à l'exemple 1, à l'aide de la solution RNA PLUS 2 (Q.BIOGEN), est utilisé comme matrice pour amplifier la séquence codant pour la protéine C (acides aminés 1 à 123) par la technique RT-PCR (kit Titan One Tube RT-PCR; Roche Biochemicals #1939 823).

10 Le couple d'amorces utilisé sur la matrice ARN est le suivant :

- 5'C/WNV (séquence des nt 82-118 du génome viral)

5' TAG CAC GAA GAA TTC GAT GTC TAA GAA ACC AGG AGG G 3' (SEQ ID NO:3) qui contient le site de restriction *EcoRI*, et

- 3'C/WNV (séquence anti-sens des nt 433 à 482 du génome viral) et

15 5' AAGTTAGCCCGGGTTAATGCTCCTACGCTGGCGATCAGGCCAATCAGGAC 3' (SEQ ID NO:4) qui contient le site de restriction *Sma I*.

L'ADNc de la protéine C de la souche IS-98-ST1 (acides aminés 1 à 123) du virus WN a été cloné d'une part entre les sites *EcoRI* et *SmaI* du plasmide pCI-neo (Promega # E1841) et d'autre part entre les sites *KspI* et *SmaI* du plasmide
20 pIVEX 2.4a (Roche).

Le plasmide recombiné pCI-C/WN contient la séquence complète du gène de la protéine C de la souche IS-98-ST1 du virus WN entre les promoteurs T7 et T3. La transcription *in vitro* de pCI-C/WN linéarisé par *NheI* sous la dépendance du promoteur T3 synthétise un ARN d'environ 370 bases complémentaire de la séquence
25 virale génomique. La ribsonde marquée à la DIG (digoxigénine) est utilisée pour la détection des ARN viraux sens positif présents dans les cellules infectées par le virus WN, par la technique d'hybridation *in situ*, selon le protocole décrit dans Després *et al.*, (*J. Virol.*, 1998, 72 : 823-829).

Le plasmide recombinant pIVEX-C/WN est utilisé pour la produc-
30 tion massive de la protéine C (acides aminés 1 à 123) du virus WN en lysat bactérien

(système RTS 500 de Roche). La protéine recombinante C produite *in vitro* possède à son extrémité N-terminale une séquence [His]₆ et le site de clivage reconnu par la protéase Xa pour permettre d'une part sa purification sur colonne de Ni et d'autre part l'élimination des résidus histidines. La protéine C de la souche IS-98-ST1 du virus WN ainsi produite est utilisée pour des études structurales, pour la recherche de partenaires cellulaires de cette protéine en colonne d'immunoaffinité, et pour la production d'anticorps monospécifiques chez le lapin.

2- La protéine M

Les ADNc de la souche IS-98-ST1 du virus WN codant pour la protéine M (acides aminés 215 à 290 de la polyprotéine virale) ou son ectodomaine de 41 acides aminés (acides aminés 215 à 255; acronyme *ectoM*) sont clonés :

(1) en phase avec l'extrémité C-terminale de l'EGFP dans le plasmide p[95-114]EGFP, dérivé du plasmide pEGFP-N1 (Clontech) qui comprend les résidus 95-114 de la protéine C du virus de la dengue de type 1 (souche BR/90) fusionnés en phase avec la séquence N-terminale de la protéine EGFP[215-290]WNV, pour donner le plasmide p[95-114]EGFP[215-290]WNV,

(2) dans le plasmide pIVEX (système RTS 500 de Roche) pour donner le plasmide pIVEX[EGFP][215-255]WNV,

(3) dans le vecteur rétroviral TRIPdeltaU3CMV, pour donner le plasmide TRIPdeltaU3CMV[95-114]EGFP[215-255]WNV.

Le plasmide pIVEX[EGFP][215-255]WNV permet la synthèse *acellulo* et la purification de la protéine chimérique EGFP-*ectoM* WNV qui est utilisée d'une part pour la production d'anticorps monospécifiques dirigés contre la protéine M du virus WN et d'autre part pour la recherche de partenaires cellulaires de la molécule *ectoM* WNV en colonne d'immunoaffinité.

Le plasmide TRIPdeltaU3CMV[95-114]EGFP[215-255]WNV est cotransfecté dans des cellules 293T avec les plasmides 8.7 et G-VSV pour produire des particules virales pseudotypées par l'enveloppe G du virus de stomatite vésiculaire (VSV), contenant les protéines internes du virus de l'immunodéficience acquise (VIH) et des molécules d'ARN chimériques CMV[95-114]EGFP[215-255]WNV. L'infection des cellules cibles par le vecteur recombiné non réplcatif permet l'intégration dans le génome cellulaire de l'ADN CMV[95-114]EGFP[215-255]WNV et l'expression stable

de l'ectodomaine de la protéine M-WN sous le contrôle du promoteur CMV.

3- La protéine NS1

L'ADNc de la souche IS-98-ST1 du virus WN codant pour la glycoprotéine NS1 avec son peptide signal (acides aminés 767 à 1143 de la polyprotéine virale) est cloné entre les sites *Bam*H1 et *Kpn*I du vecteur rétroviral TRIPdeltaU3 pour produire le plasmide recombiné TRIPdeltaU3-CMV-NS1-WN. Le plasmide TRIPdeltaU3-CMV-NS1-WN est cotransfecté dans des cellules 293T avec les plasmides 8.7 et G-VSV pour produire des particules virales pseudotypées par l'enveloppe G du virus de stomatite vésiculaire (VSV), contenant les protéines internes du virus de l'immunodéficience acquise (VIH) et des molécules d'ARN chimériques CMV-NS1-WN. L'infection des cellules cibles par le vecteur recombiné non réplcatif permet l'intégration dans le génome cellulaire de l'ADN CMV-NS1-WN et l'expression stable de la protéine NS1 du virus WN sous le contrôle du promoteur CMV. La protéine NS1 de la souche IS-98-ST1 du virus WN ainsi produite est utilisée pour des études structurales, pour la recherche de partenaires cellulaires de cette protéine en colonne d'immunoaffinité, et pour la production d'anticorps monospécifiques chez le lapin.

Exemple 4 : Les souris sauvages et de lignées consanguines de laboratoire se différencient par leur sensibilité à l'infection par la souche neuroinvasive IS-98-ST1 du virus West Nile.

1- Les lignées de souris et les cellules sensibles.

a) lignées de souris sensibles

Des souris de lignées consanguines sensibles *F/v*^r (BALB/c) âgées de 6 semaines sont inoculées par la voie intrapéritonéale avec 100 UFF de la souche IS-98-ST1 virus West Nile (UFF:DL50 = 10), préparée comme décrit à l'exemple 1.

Ces souris meurent à 100% avec un temps moyen de mortalité de 9 ± 2 jours (Figure 2).

La cinétique de propagation de la souche IS-98ST1 dans le système nerveux central de la souris sensible (BALB/c) a été analysée à partir des extraits de cerveau des souris infectés titrés sur cellules AP61, selon la technique décrite dans Després et al. (*J. Virol.*, 1998, 72, 823-829). Les résultats montrent que le virus est détecté dans le système nerveux central (SNC)

murin au 5^{ème} jour de l'infection et la production virale est maximale au 7^{ème} jour (Figure 3). Au 9^{ème} jour de l'infection, le virus n'est plus détecté dans le SNC murin (Figure 3).

La réplication du virus WN dans le SNC et les organes périphériques
5 des souris infectées par la souche IS-98-ST1 est également détectée par immuno-
histologie, selon les protocoles classiques tels que décrits dans Després et al., 1998
(précité) et par hybridation *in situ*, selon les protocoles décrits à l'exemple 3.

Les anticorps sériques spécifiquement dirigés contre les protéines du
virus WN sont titrés par ELISA selon le protocole décrit dans Després et al., 1993
10 (précité), en utilisant la souche IS-98-ST1 purifié sur gradient de saccharose telle que
décrite à l'exemple 1, comme antigène. Les résultats montrent que les anticorps
sériques apparaissent au 5^{ème} jour de l'infection et sont significativement détectés au
7^{ème} jour (figure 2).

b) cellules sensibles

15 b1) cultures primaires

Des neurones primaires et des astrocytes du SNC de souris sensibles
homozygotes pour l'allèle *Flv'* (souris Swiss, Janvier) sont préparés selon les proto-
coles classiques. Les cellules sont infectées par la souche IS-98-ST1 à une multiplicité
d'infection de 20 UFF par cellule (m.i. de 20). L'effet cytopathique est observé en
20 microscopie optique, la production virale est analysée par titration sur cellules AP61
comme décrit précédemment à l'exemple 1 et l'expression des antigènes viraux est
analysée par radioimmunoprécipitation à l'aide d'un sérum immun de souris anti-West
Nile, selon les protocoles classiques tels que décrits dans Duarte Dos Santos et al.
(*Virology*, 2000, 274, 292-308).

25 Les résultats montrent que 80% des neurones en culture produisent
les antigènes viraux :

- leur profil en gel de polyacrylamide-SDS est présenté à la figure
4A.

- la production virale est de $[3,0 \pm 1,5] \times 10^6$ UFF/ml après 20 h
30 d'infection et de $[7,0 \pm 0,5] \times 10^7$ UFF/ml à 40 h.

- les effets cytopathiques (ECPs) de type nécrotique sont observés
après 48 h d'infection virale.

En revanche, les astrocytes du SNC murin ne sont pas permissifs à la réplication du virus WN souche IS-98-ST1.

b₂) lignées cellulaires

Des cellules de neuroblastome murin Neuro 2a et des cellules d'hépatome humain HepG2, cultivées dans les conditions classiques telles que décrites dans Marianneau et al. (*J. Virol.*, 1996, 77, 2547-2554) sont infectées à différentes multiplicité d'infection par le virus WN souche IS-98-ST1, préparé comme décrit à l'exemple 1. L'effet cytopathique est observé en microscopie optique, la production virale est analysée par titration sur cellules AP61 comme décrit précédemment à l'exemple 1 et l'expression des antigènes viraux est analysée par radioimmunoprécipitation à l'aide d'un sérum immun de souris anti-West Nile, selon les protocoles classiques tels que décrits dans Duarte Dos Santos et al., *Virol.*, 2000, 274,292-308.

Les résultats montrent que les cellules de neuroblastome murin Neuro 2a sont permissives à la réplication de la souche IS-98-ST1 du virus WN. Une m.i. de 4 est nécessaire pour infecter 80% des cellules Neuro 2a en monocouche. La production virale est de 10^7 UFF/ml (m.i. de 4) après 40 h d'infection et la mort cellulaire par nécrose est massive (Figure 5). La cinétique de production des antigènes majeurs prM, E et NS1 à partir de la polyprotéine virale présentée dans la figure 4B. montre que le demi-temps de formation de la glycoprotéine d'enveloppe E est d'environ 30 min. La protéine E de la souche IS-98-ST1 semble ne posséder qu'un seul résidu N-glycane (figure 4C).

Les résultats montrent également que les cellules d'hépatome humain HepG2 sont permissives à la réplication de la souche IS-98-ST1 du virus WN. A une m.i. de 10, la production virale est de $[2 \pm 1] \times 10^6$ UFF/ml après 48 h d'infection et les ECPs sont observés à partir de 72 h.

2- Les souris résistantes.

Les lignées de souris résistantes (*Flv*) qui dérivent de souris sauvages de l'espèce *Mus spretus* (SEG/Pas et STF/Pas), *Mus musculus musculus* (MBT/Pas, MAI/pas), *Mus musculus domesticus* (WMP/Pas), sont inoculées par la voie intrapéritonéale, avec 1000 UFF (100 DL50) de la souche IS-98-ST1 préparée selon le protocole décrit à l'exemple 1.

Contrairement aux souris de laboratoire qui sont sensibles à l'infection par la souche IS-98-ST1 et meurent en une dizaine de jours, ces souris dérivant de souris sauvages sont résistantes à l'inoculation de la souche IS-98-ST1 et néanmoins permissives à la réplication de la souche IS-98-ST1. En effet, l'infection virale des souris dérivant de souris sauvages est asymptomatique bien que le virus se multiplie *in toto* comme le démontre la production d'anticorps sériques anti-WN à hauts titres ; en ELISA, les titres des sérums à la dilution 1:100 pour 10^6 UFF de virion purifié IS-98-ST1 sont supérieurs à 1 unité de D.O. à 450 nm.

Les souris résistantes à l'infection virale sont utilisées pour la production de sérums immuns spécifiquement dirigés contre les protéines de la souche IS-98-ST1 du virus WN. Trois semaines après inoculation du virus WN, les sérums prélevés de souris résistantes (0,045 ml par souris) sont mélangés, décomplémentés 30 min à 56°C puis dilués au 1:10 dans du DPBS* (v/v) supplémenté avec 0,2% (v/v) de Sérum Albumine bovine (Life Technologies) et 0,05% (v/v) d'azide de sodium. Les sérums dilués sont répartis en 0,2 ml et conservés à -20°C. Les sérums immuns dirigés contre la souche IS-98-ST1 sont utilisés aux dilutions finales de 1:500 pour l'immunofluorescence indirecte et au 1:1000 pour l'immunoprécipitation des protéines virales radiomarquées.

Exemple 5 : Utilisation de la souche IS-98-ST1 du virus West Nile pour identifier les gènes cellulaires impliqués dans la sensibilité de l'hôte à l'infection aux virus de la famille des *Flaviviridae*.

1) Méthodes

a) Modèle d'analyse de la résistance à l'infection par les *Flaviviridae* (figure 6)

Des souris mâles des lignées résistantes MAI/Pas et MBT/Pas sont croisées avec des souris femelles des lignées sensibles C57BL/6 et BALB/c. Les souris mâles de la génération F1 sont croisées en retour avec des souris femelles des lignées résistantes C57BL/6 et BALB/c pour donner une génération de souris de premier de premier croisement en retour (BC1).

Des souris BC1 âgées de 5 semaines sont inoculées par voie intrapéritonéale avec la souche IS-98-ST1, préparée selon le protocole décrit à l'exemple 1, dans les conditions décrites à l'exemple 2.

Les animaux sont observés tous les jours et les taux de mortalité et de survie sont déterminés 14 jours après l'infection.

b) génotypage des allèles Flv

Les allèles *Flv* des individus BC1 ont été cartographiés par PCR
5 génomique à l'aide d'amorces spécifiques de 16 microsatellites du chromosome 5 (Catalogue Research Genetics) entourant le locus *Flv* (figures 7-9), selon les techniques courantes de biologie moléculaire en utilisant les protocoles standards tels que ceux décrits dans *Current Protocols in Molecular Biology* (Frederick M. AUSUBEL, 2000, Wiley and son Inc, Library of Congress, USA).

10 2) Résultats

L'analyse de la distribution des allèles *Flv* chez les souris BC1 sensibles et résistantes à l'infection par la souche IS-98ST1 montre qu'un allèle *Flv'* est suffisant pour conférer la résistance à l'infection (figure10). Les résultats montrent également que dans ce modèle il existe une corrélation parfaite entre le phénotype
15 résistant et la présence de l'allèle *Flv'* et une corrélation presque parfaite entre le phénotype sensible et l'absence de l'allèle *Flv'* (figure10).

Le génotypage des allèles *Flv* montre que le locus *Flv* est localisé dans une région de 0,2 cM contenant le gène OAS1 (figures 7-9).

REVENDICATIONS

1°) Souche isolée du virus West Nile, caractérisée en ce que son génome est constitué par la séquence SEQ ID NO :1.

2°) Molécule d'acide nucléique, caractérisée en ce qu'elle est sélectionnée dans le groupe constitué par la séquence SEQ ID NO :1, les fragments d'au moins 15 nucléotides de la séquence SEQ ID NO :1 et les séquences complémentaires sens et anti-sens des séquences précédentes.

3°) Molécule d'acide nucléique selon la revendication 2, caractérisée en ce qu'elle est choisie dans le groupe constitué par les amorces comprenant au moins 15 nucléotides de la séquence en amont ou en aval de l'un des codons correspondant aux positions suivantes dans la séquence nucléotidique SEQ ID NO:1:

- codon Alanine en positions 1117-1119 (position 51 dans la séquence en acides aminés de la protéine E),

- codon Asparagine en positions 2518-2520 (position 17 de la séquence en acides aminés de la protéine NS1),

- codon Arginine en positions 4018-4020 (position 164 de la séquence en acides aminés de la protéine NS2A),

- codons Glycine en positions 4462-4464 et acide Glutamique en positions 4465-4467 (positions 82 et 83 de la séquence en acides aminés de la protéine NS2B),

- codons Proline en positions 6097-6099 et acide Glutamique en positions 6172-6174 (positions 496 et 521 de la séquence en acides aminés de la protéine NS3), et

- codons Serine en positions 7840-7842, Asparagine en positions 8518-8520 et Alanine en positions 8794-8796 (positions 54, 280 et 372 de la séquence en acides aminés de la protéine NS5).

4°) Molécule d'acide nucléique selon la revendication 2 choisie dans le groupe constitué par les fragments, de préférence entre 50 et 200 nucléotides, amplifiés en utilisant les amorces selon la revendication 3.

5°) Vecteur recombinant, caractérisé en ce qu'il comprend une molécule d'acide nucléique selon l'une quelconque des revendications 2 à 4.

6°) Cellule eucaryote, caractérisée en ce qu'elle est transformée par une molécule d'acide nucléique selon l'une quelconque des revendications 2 à 4, un vecteur selon la revendication 5 ou une souche neurovirulente du virus West Nile selon la revendication 1.

5 7°) Protéine ou peptide, caractérisé en ce qu'il est codé par une molécule d'acide nucléique selon l'une quelconque des revendications 2 à 4.

8°) Anticorps polyclonal, caractérisé en ce qu'il est susceptible d'être obtenu par immunisation d'un mammifère non-humain avec la souche selon la revendication 1.

10 9°) Anticorps selon la revendication 8, caractérisé en ce que ledit mammifère non-humain est une souris homozygote pour l'allèle *Flv* de résistance à l'infection par les virus de la famille des *Flaviviridae*.

15 10°) Anticorps polyclonal ou monoclonal, caractérisé en ce qu'il est susceptible d'être obtenu par immunisation d'un mammifère non-humain avec un vecteur recombinant selon la revendication 5 ou bien une protéine ou un peptide, selon la revendication 7.

11°) Modèle d'étude de la sensibilité/résistance à l'infection par un virus de la famille des *Flaviviridae*, caractérisé en ce qu'il comprend au moins une souche neurovirulente du virus West Nile selon la revendication 1.

20 12°) Modèle d'étude selon la revendication 11, caractérisé en ce qu'il comprend en outre une souris homozygote pour l'allèle *Flv* ou *Flv*.

13°) Procédé de détection d'une infection à *Flaviviridae*, notamment du virus West Nile, caractérisé en ce qu'il comprend :

25 - l'amplification des ARN issus d'un échantillon biologique à tester en utilisant comme amorces des molécules d'acide nucléique selon la revendication 3, et
- le séquençage du produit d'amplification obtenu.

14°) Procédé de criblage de gènes cellulaires impliqués dans la résistance d'un mammifère à l'infection par un virus de la famille des *Flaviviridae*, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :

30 - mise en culture de cellules dérivées d'un hôte (humain ou non-humain) sélectionné pour sa résistance ou sa sensibilité à l'infection par un *Flaviviridae*,
- infection *in vitro* desdites cellules par un *Flaviviridae*,

- détection de gènes exprimés de manière différentielle dans lesdites cellules infectées.

15°) Utilisation du modèle selon la revendication 11 ou la revendication 12, pour le tri de molécules actives contre une infection virale due à un virus de la famille des *Flaviviridae*.

16°) Procédé de tri de molécules actives contre une infection par un Flavivirus, caractérisé par :

- la mise en contact d'une culture de cellules eucaryotes, issues d'un mammifère sensible à l'infection à un *Flaviviridae* avec une suspension virale de la souche selon la revendication 1, en présence ou en l'absence de la molécule à tester et

- détection de la réplication du virus.

17°) Variant de la souche virale selon la revendication 1, caractérisée en ce qu'il comprend au moins une mutation dans la séquence nucléotidique correspondant à NS5.

1/13

CI	C	MSKKPGGPGKSRVNMMLKRGMPRVLSLIGLKRAMLSLIDGKGPIRFVLAL
FLA		MSKKPGGPGKSRVNMMLKRGMPRVLSLIGLKRAMLSLIDGKGPIRFVLAL

CI		LAFFRFTAIAPTRAVLDRWGVNKQTAMKHLISFKKELGTLSAINRRSS
FLA		LAFFRFTAIAPTRAVLDRWGVNKQTAMKHLISFKKELGTLSAINRRSS

	prM	
CI		KQKKRGGKTGIAVMIGLIASVGAVTLSNFQKGVMVTNATDVTDVITIPT
FLA		KQKKRGGKTGIAVMIGLIASVGAVTLSNFQKGVMVTNATDVTDVITIPT

CI		AAGKNLCIVRAMDVGVMCDDTITYECPVLSAGNDPEDIDCWCTKSAYVVR
FLA		AAGKNLCIVRAMDVGVMCDDTITYECPVLSAGNDPEDIDCWCTKSAYVVR

	M	
CI		YGRCTKTRHSRRSRLTVQTHGESTLANKKGAWMDSTKATRYLVKTESW
FLA		YGRCTKTRHSRRSRLTVQTHGESTLANKKGAWMDSTKATRYLVKTESW

	E	
CI		ILRNPGYALVAAVIGWMLGSNTMQRVVFVLLLVAPAYSFNCLGMSNRD
FLA		ILRNPGYALVAAVIGWMLGSNTMQRVVFVLLLVAPAYSFNCLGMSNRD

CI		FLEGVSGATWVDLVLEGDSCVTIMSKDKPTIDVKMMNMEAANLAEVRSYC
FLA		FLEGVSGATWVDLVLEGDSCVTIMSKDKPTIDVKMMNMEAANLAEVRSYC

CI		YLATVSDLSTKAACPTMGEAHNDKRAPAFVCRQGVVDRGWGNGCGLFGK
FLA		YLATVSDLSTKAACPTMGEAHNDKRAPAFVCRQGVVDRGWGNGCGLFGK

CI		GSIDTCAKFACSTKAIGRTILKENIKYEVAIFVHGPTTVESHGNYSTQVG
FLA		GSIDTCAKFACSTKAIGRTILKENIKYEVAIFVHGPTTVESHGNYSTQVG

CI		ATQAGRFSITPAAPSYTLKLGEYGEVTVDCPRSGIDTNAYYVMTVGTKT
FLA		ATQAGRFSITPAAPSYTLKLGEYGEVTVDCPRSGIDTNAYYVMTVGTKT

CI		FLVHREWFMDLNPWSSAGSTVWRNRETLMFEFEPHATKQSVIALGSQEG
FLA		FLVHREWFMDLNPWSSAGSTVWRNRETLMFEFEPHATKQSVIALGSQEG

CI		ALHQALAGAI PVEFSSNTVKLTSGHLKCRVKMEKLQKGTTYGVCSKAFX
FLA		ALHQALAGAI PVEFSSNTVKLTSGHLKCRVKMEKLQKGTTYGVCSKAFX

CI		FLGTPADTGHGTVVLELQYTGTDGPCKVPISSVASLNDLTPVGRVLTVPN
FLA		FLGTPADTGHGTVVLELQYTGTDGPCKVPISSVASLNDLTPVGRVLTVPN

CI		FVSVATANAKVLIELEPPFGDSYIVVGRGEQQINHHWHKSGSSIGKAFTT
FLA		FVSVATANAKVLIELEPPFGDSYIVVGRGEQQINHHWHKSGSSIGKAFTT

FIGURE 1A

2823218

2/13

CI
FLA
TLKGAQRLAALGDTAWDFGSVGGVFTSVGKAVHQVFGGAFRSLFGGMSWI
TLKGAQRLAALGDTAWDFGSVGGVFTSVGKAVHQVFGGAFRSLFGGMSWI

NS1

CI
FLA
TQGLLGALLLWGMINARDRSIALTFLAVGGVLLFLSVNVHADTGCAIDIS
TQGLLGALLLWGMINARDRSIALTFLAVGGVLLFLSVNVHADTGCAIDIS

CI
FLA
RQELRCGNGVFIHNDVEAWMDRYKYYPETPQGLAKIIQKAHKEGVCGLSR
RQELRCGSGVFIHNDVEAWMDRYKYYPETPQGLAKIIQKAHKEGVCGLSR

CI
FLA
VSRLEHQMWEAVKDELNTLLKENGVDLSVVVEKQEGMYKSAPKRLTATTE
VSRLEHQMWEAVKDELNTLLKENGVDLSVVVEKQEGMYKSAPKRLTATTE

CI
FLA
KLEIGWKAWGKSILFAPELANNTFVVDGPETKECPTQNRWNSLEVEDFG
KLEIGWKAWGKSILFAPELANNTFVVDGPETKECPTQNRWNSLEVEDFG

CI
FLA
FGLTSTRMFLKVRESNTECDSKIIGTAVKNNLAIHSDLSYWIESRLNDT
FGLTSTRMFLKVRESNTECDSKIIGTAVKNNLAIHSDLSYWIESRLNDT

CI
FLA
WKLERAVLGEVKSTWPETHTLWGDGILESDLIIPVTLAGPRSNHNRPG
WKLERAVLGEVKSTWPETHTLWGDGILESDLIIPVTLAGPRSNHNRPG

CI
FLA
YKTQNGQPWDEGRVEIDFDYCPGTTVTLSESCGHRGPATRTTTESGKLIT
YKTQNGQPWDEGRVEIDFDYCPGTTVTLSESCGHRGPATRTTTESGKLIT

NS2A

CI
FLA
DWCCRSTLPPLRYQTDSCGWYMEIRPQRHDEKTLVQSQVNAYNADMID
DWCCRSTLPPLRYQTDSCGWYMEIRPQRHDEKTLVQSQVNAYNADMID

CI
FLA
PFQLGLLVVFLATQEVLRKRWTAKISMPAILIALLVLVFGGITYTDVLR
PFQLGLLVVFLATQEVLRKRWTAKISMPAILIALLVLVFGGITYTDVLR

CI
FLA
VILVGAAFAESNSGGDVVHLALMATFKIQPVFMVASFLKARWTNQENILL
VILVGAAFAESNSGGDVVHLALMATFKIQPVFMVASFLKARWTNQENILL

CI
FLA
MLAAVFFQMayHDARQILLWEIPDVLSLAVAMMILRAITFTTTSNVVVP
MLAAVFFQMayHDARQILLWEIPDVLSLAVAMMILRAITFTTTSNVVVP

CI
FLA
LLALLTPRLRCLNLDVYRILLMVGIGSLIREKRSAAAKKKGASLLCLAL
LLALLTPGLRCLNLDVYRILLMVGIGSLIREKRSAAAKKKGASLLCLAL

NS2B

CI
FLA
ASTGLFNPMILAAGLIACDPNRKRGWPATEVMTAVGLMFAIVGGLAELDI
ASTGLFNPMILAAGLIACDPNRKRGWPATEVMTAVGLMFAIVGGLAELDI

CI
FLA
DSMAIPMTIAGLMFAAFVISGKSTDMWIERTADISWESDAEITGSSERV
DSMAIPMTIAGLMFAAFVISGKSTDMWIERTADISWESDAEITGSSERV

CI
VRLDDGENFQMLMNDPGAPWKIWMMLRMVCLAISAYTPWAILPSVVGFWITL

FIGURE 1B

2823218

3/13

FLA	VRLODDGNFQLMNDPGAPWKIWMRLRMVCLAISAYTPWAILPSVVGFWITL ***** NS3
CI	QYTKRGGVLWDTPSPKEYKKGDTTGGVYRIMTRGLLGSYQAGAGVMVEGV
FLA	QYTKRGGVLWDTPSPKEYKKGDTTGGVYRIMTRGLLGSYQAGAGVMVEGV *****
CI	FHTLWHTTKGAALMSGEGRLDPYWGCVKEDRLCYGGPWKLQHKWNGQDEV
FLA	FHTLWHTTKGAALMSGEGRLDPYWGCVKEDRLCYGGPWKLQHKWNGQDEV *****
CI	QMIVVEPGKNVKNVQTKPGVFKTPEGEIGAVTLDFPTGTSGSPIVDKNGD
FLA	QMIVVEPGKNVKNVQTKPGVFKTPEGEIGAVTLDFPTGTSGSPIVDKNGD *****
CI	VIGLYGNGVIMPNGSYISAIVQGERMDEPI PAGFEPEMLRKKQITVLDLH
FLA	VIGLYGNGVIMPNGSYISAIVQGERMDEPI PAGFEPEMLRKKQITVLDLH *****
CI	PGAGKTRRILPQIIKEZAINRRLRTAVLAPTRVVAEMAEALRGLPIRYQT
FLA	PGAGKTRRILPQIIKEZAINRRLRTAVLAPTRVVAEMAEALRGLPIRYQT *****
CI	SAVPREHNGNEIVDMCHATLTHRLMSPHRVPNYNLFVMDAEHFTDPASI
FLA	SAVPREHNGNEIVDMCHATLTHRLMSPHRVPNYNLFVMDAEHFTDPASI *****
CI	AARGYISTKVELGEAAAIEMTATPPGTSDFPESNSPISDLQTEIPDRAW
FLA	AARGYISTKVELGEAAAIEMTATPPGTSDFPESNSPISDLQTEIPDRAW *****
CI	NSGYEWITEYTGKTVWFVPSVKMGNEIALCLQRAGKKVVQLNRKSYETEV
FLA	NSGYEWITEYTGKTVWFVPSVKMGNEIALCLQRAGKKVVQLNRKSYETEV *****
CI	PKCKNDDWDFVITTDISEMGANFKASRVDSRKS VKPTIITEGEGRVILG
FLA	PKCKNDDWDFVITTDISEMGANFKASRVDSRKS VKPTIITEGEGRVILG *****
CI	EPSAVTAASAAQRRGRIGRNPSQVGDEYCYGGHTNEDDSNFAHWTEARIM
FLA	EPSAVTAASAAQRRGRIGRNPSQVGDEYCYGGHTNEDDSNFAHWTEARIM *****
CI	PDNINMPNGLIAQFYQPEREKVYTMGEYRLRGEERKNFLELLRTADLPV
FLA	PDNINMPNGLIAQFYQPEREKVYTMGEYRLRGEERKNFLELLRTADLPV *****
CI	WLAYKVAAAGVSYHRRWCDFGPRNTILEDNNEVEVITKLGERKILRPR
FLA	WLAYKVAAAGVSYHRRWCDFGPRNTILEDNNEVEVITKLGERKILRPR *****
	NS4A
CI	WIDARVYSDHQALKAFKDFASGKRSQIGLIEVLGKMPHFMGKTWEALDT
FLA	WIDARVYSDHQALKAFKDFASGKRSQIGLIEVLGKMPHFMGKTWEALDT *****
CI	MYVVATAEKGGRAHMALEELPDALQTIALLSVMTMGVFFLLMQRK
FLA	MYVVATAEKGGRAHMALEELPDALQTIALLSVMTMGVFFLLMQRK *****
CI	IGKIGLGGAVLGVATFFCWMAEVPGTKIAGMLLLSLLLMIVLIPEPEKQR

FIGURE 1C

2823218

4/13

FLA	IGKIGLGGAVLG VATFFCWM AEVPGTKIAGMLLLSLLLMI VLIPEPEKQR *****
	NS4B
CI FLA	SQTDNQLAVFLICVMTLVS AVPAANEMGWL DKT KSDISSLFGQRIEVKENF SQTDNQLAVFLICVMTLVS AVPAANEMGWL DKT KSDISSLFGQRIEVKENF *****
CI FLA	SMGEFLDLDRPATAWSLYAVTTAVLTPLLKHLITSDYINTSLTSINVQAS SMGEFLDLDRPATAWSLYAVTTAVLTPLLKHLITSDYINTSLTSINVQAS *****
CI FLA	ALFTLARGFPFVDVGVSALLLAAGCWGQVTLTVTVTAATLLFCHYAYMVP ALFTLARGFPFVDVGVSALLLAAGCWGQVTLTVTVTAATLLFCHYAYMVP *****
CI FLA	GWQAEAMRSAQRRTAAGIMKNAVVDGIVATDVPELERTTPIMQKKVGQIM GWQAEAMRSAQRRTAAGIMKNAVVDGIVATDVPELERTTPIMQKKVGQIM *****
CI FLA	LILVSLAAVVVNPSVKTVREAGILITAAVTLWENGASSVWNATTAIGLC LILVSLAAVVVNPSVKTVREAGILITAAVTLWENGASSVWNATTAIGLC *****
	NS5
CI FLA	HIMRGGWLSCLSIWTLIK NMEK PGLKRGGA KGR TLGEVWKERLNQMTKE HIMRGGWLSCLSIWTLIK NMEK PGLKRGGA KGR TLGEVWKERLNQMTKE *****
CI FLA	EFTRYRKEAIEVD RSAAKHARKEG NVTGGH SVSRGTAKLRWLVERRFLE EFTRYRKEAIEVD RSAAKHARKEG NVTGGH SVSRGTAKLRWLVERRFLE *****
CI FLA	PVGKVIDLGCGRGGWCYMATQKR VQEV RG YTKGGPGHEEPQLVQSYGWN PVGKVIDLGCGRGGWCYMATQKR VQEV RG YTKGGPGHEEPQLVQSYGWN *****
CI FLA	IVTMKSGVDVFYRPSECCDTLLCDIGESSSSAEVEEHRTIRVLEMVEDWL IVTMKSGVDVFYRPSECCDTLLCDIGESSSSAEVEEHRTIRVLEMVEDWL *****
CI FLA	HRGPREFCVKVLCPYMPKVIEKMELLQRRYGGGLVRNPLSRNSTHEMYWV HRGPREFCVKVLCPYMPKVIEKMELLQRRYGGGLVRNPLSRNSTHEMYWV *****
CI FLA	SRASGNVVH SVNM TSQVLLGRMEKRTWKGPQYEEDVNLGSGTRAVGKPLL SRASGNVVH SVNM TSQVLLGRMEKRTWKGPQYEEDVNLGSGTRAVGKPLL *****
CI FLA	NSDTSKINNRIERLRREYSSTW HHDENHPYRTWNYHGSYDVKPTGSASSL NSDTSKINNRIERLRREYSSTW HHDENHPYRTWNYHGSYDVKPTGSASSL *****
CI FLA	VNGVVRLLSKPWDTITNVTTMAMTD TTPFGQQRVFKEKVDTKAPEPPEGA VNGVVRLLSKPWDTITNVTTMAMTD TTPFGQQRVFKEKVDTKAPEPPEGV *****
CI FLA	KYVLNETTNWLWAF LAREKRPRMCSREEFIRKVNSNAALGAMFEEQNQWR KYVLNETTNWLWAF LAREKRPRMCSREEFIRKVNSNAALGAMFEEQNQWR *****
CI	SAREAVEDPKFWEMVDEERE AHLRGECHTCIYNMMGKREKKPGFEGKAKG

FIGURE 1D

2823218

5/13

FLA	SAREAVEDPKFEMVDEZREAHLRGECHTCIYNMMGKREKKPGFEGKAKG *****
CI	SRAIWFMWLGARFLEFEALGFLNEDHWLGRKNSGGGVEGLGLQKLGYLRL
FLA	SRAIWFMWLGARFLEFEALGFLNEDHWLGRKNSGGGVEGLGLQKLGYLRL *****
CI	EVGTRPGGKIYADDTAGWDTRITRADLENEAKVLELLOGEHRRLARAIIE
FLA	EVGTRPGGKIYADDTAGWDTRITRADLENEAKVLELLOGEHRRLARAIIE *****
CI	LTYRHKVVKVMRPAADGRTVMDVISREDQRGSGQVVTYALNTFTNLAVQL
FLA	LTYRHKVVKVMRPAADGRTVMDVISREDQRGSGQVVTYALNTFTNLAVQL *****
CI	VRMEGEGVIGPDDVEKLTGKGPKVRTWLFENGEEERLSRMAVSGDDCVV
FLA	VRMEGEGVIGPDDVEKLTGKGPKVRTWLFENGEEERLSRMAVSGDDCVV *****
CI	KPLDDRFATSLHFLNAMSKVRKDIQEWKPTGWDWQQVPFCSNHFTELI
FLA	KPLDDRFATSLHFLNAMSKVRKDIQEWKPTGWDWQQVPFCSNHFTELI *****
CI	MKDGRITLVVPCRQDELVGRARISPGAGWNVRDTACLAKSYAQMWWLLLYF
FLA	MKDGRITLVVPCRQDELVGRARISPGAGWNVRDTACLAKSYAQMWWLLLYF *****
CI	HRDLRLMANAICSAVPVNWVPTGRTTWSIHAGGEWMTTEDMLEVWNRVW
FLA	HRDLRLMANAICSAVPVNWVPTGRTTWSIHAGGEWMTTEDMLEVWNRVW *****
CI	IEENEWMEDKTPVEKWSVPYSGKREDIWCGLIGTRARATWAENIQVAI
FLA	IEENEWMEDKTPVEKWSVPYSGKREDIWCGLIGTRARATWAENIQVAI *****
CI	NQVRAIIGDEKYVDYMSSLKRYEDTTLVEDTVL
FLA	NQVRAIIGDEKYVDYMSSLKRYEDTTLVEDTVL *****

FIGURE 1E

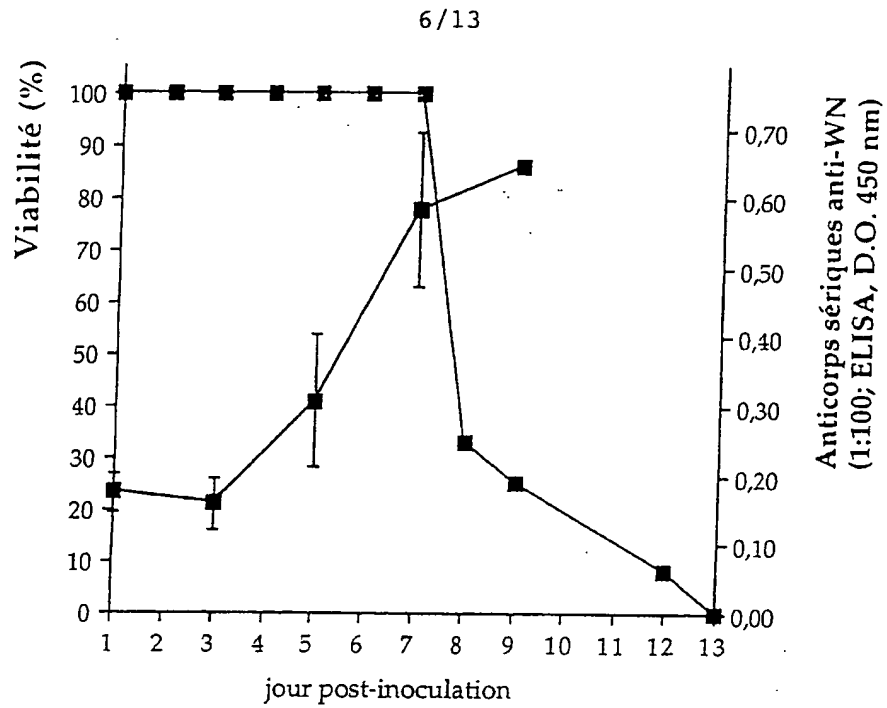


FIGURE 2

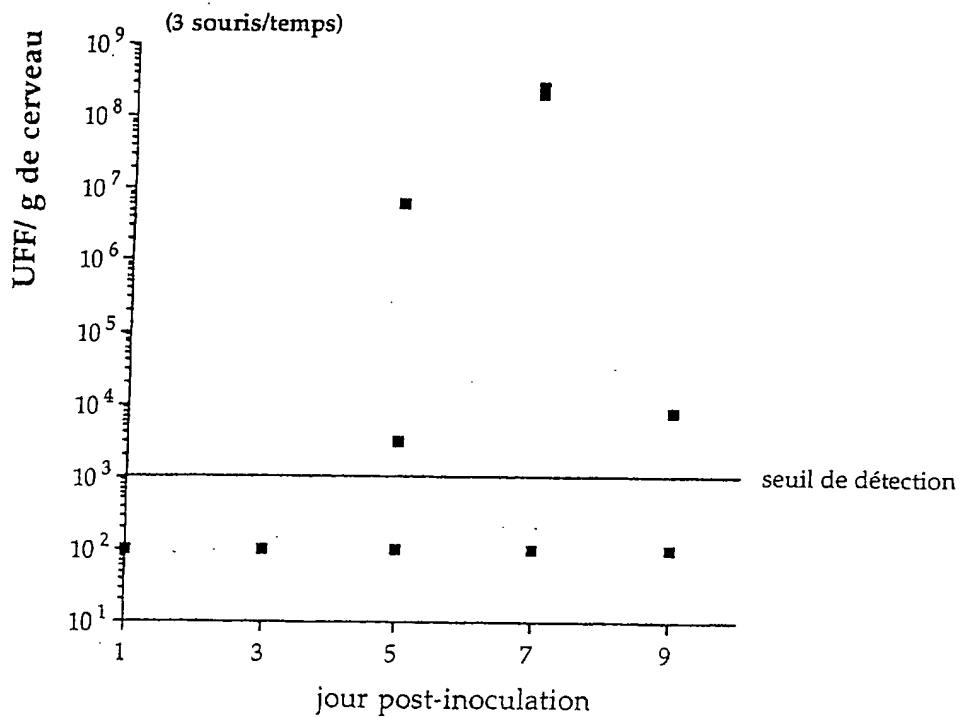


FIGURE 3

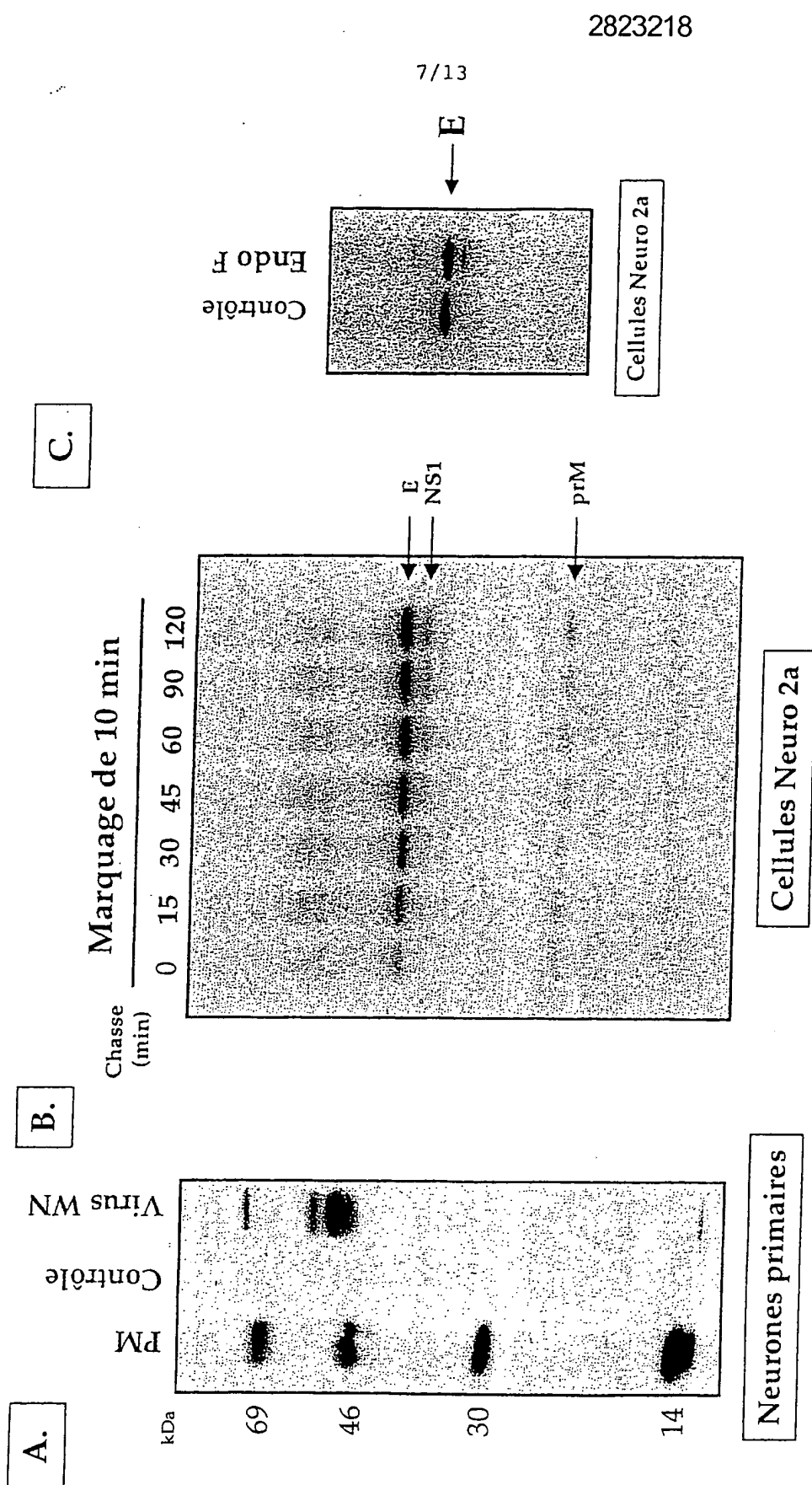
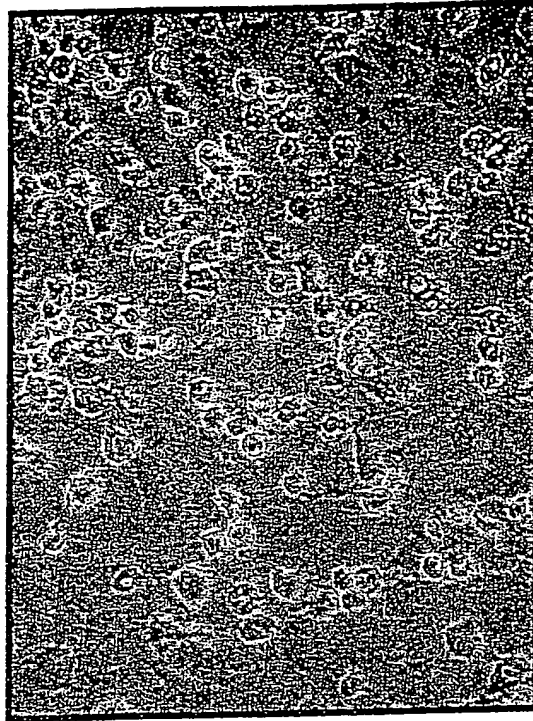
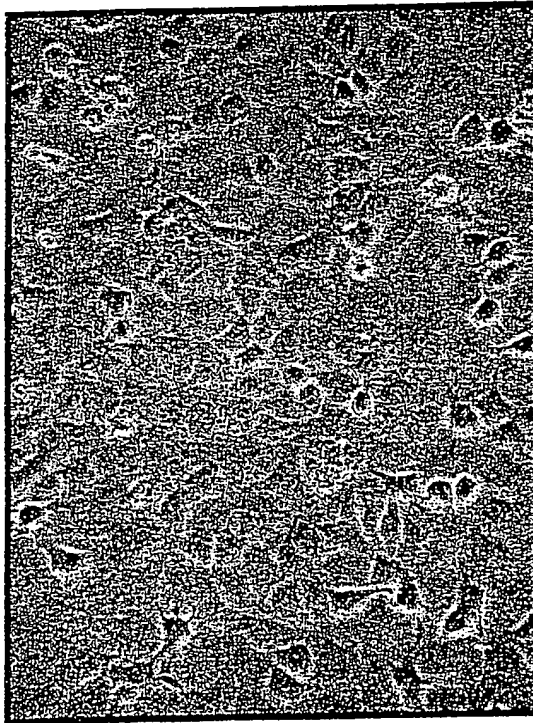


FIGURE 4



Souche IS-98-ST1 (m.i. de 4)
24 h d 'infection



Contrôle

FIGURE 5

Souris

Lignées consanguines de laboratoire :

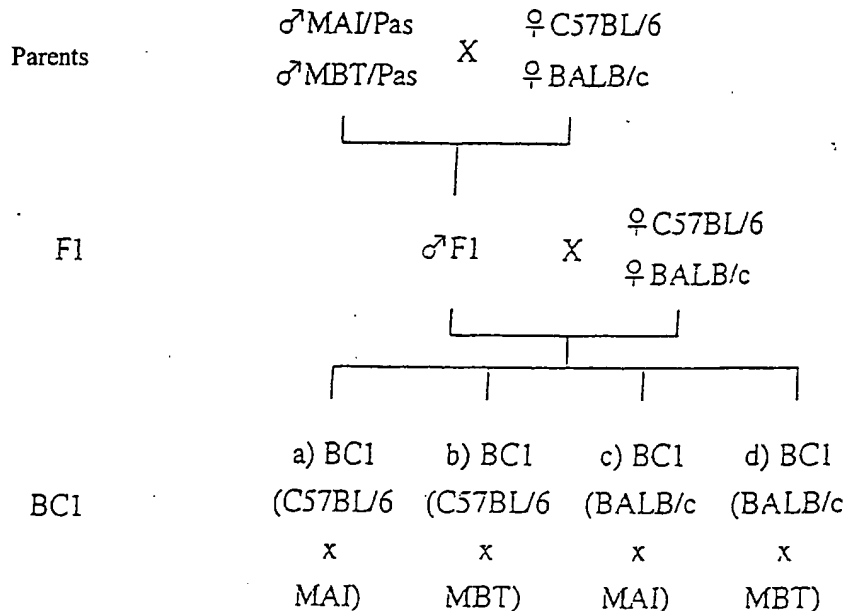
BALB/c, C57BL/6, DDK, 129, C3H et DBA/1

→ sensibles à l'infection par le virus WN

Souris sauvages :

SEG/Pas (*Mus spretus*), MAI/Pas, MBT/Pas (*Mus m. musculus*)

→ résistantes à l'infection par le virus WN

Génération de souris de premier croisement en retour (BC1)**Virus**

Injection du virus West Nile (WN)

Souris âgées de 5 semaines

Observation des souris pendant les 14 jours suivant l'infection

Génotypage des allèles *Fly*marqueurs flanquant le locus *Fly* sur le chromosome 5 de la souris

FIGURE 6

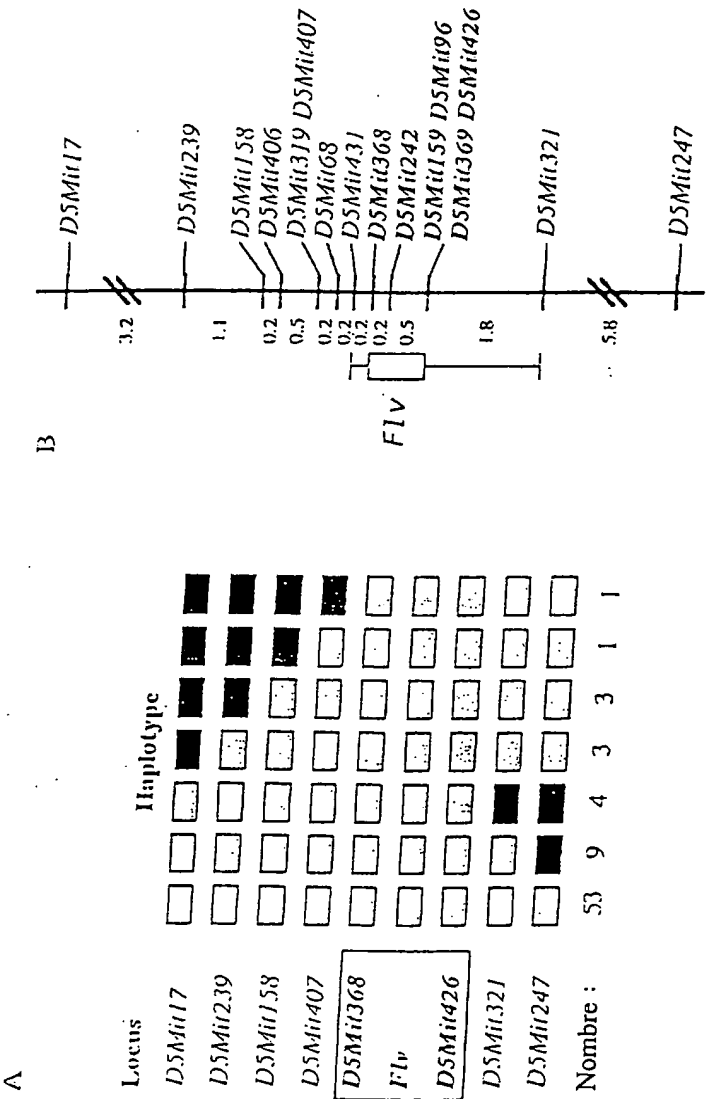


FIGURE 7

Parents de la génération de premier croisement en retour (BC1)

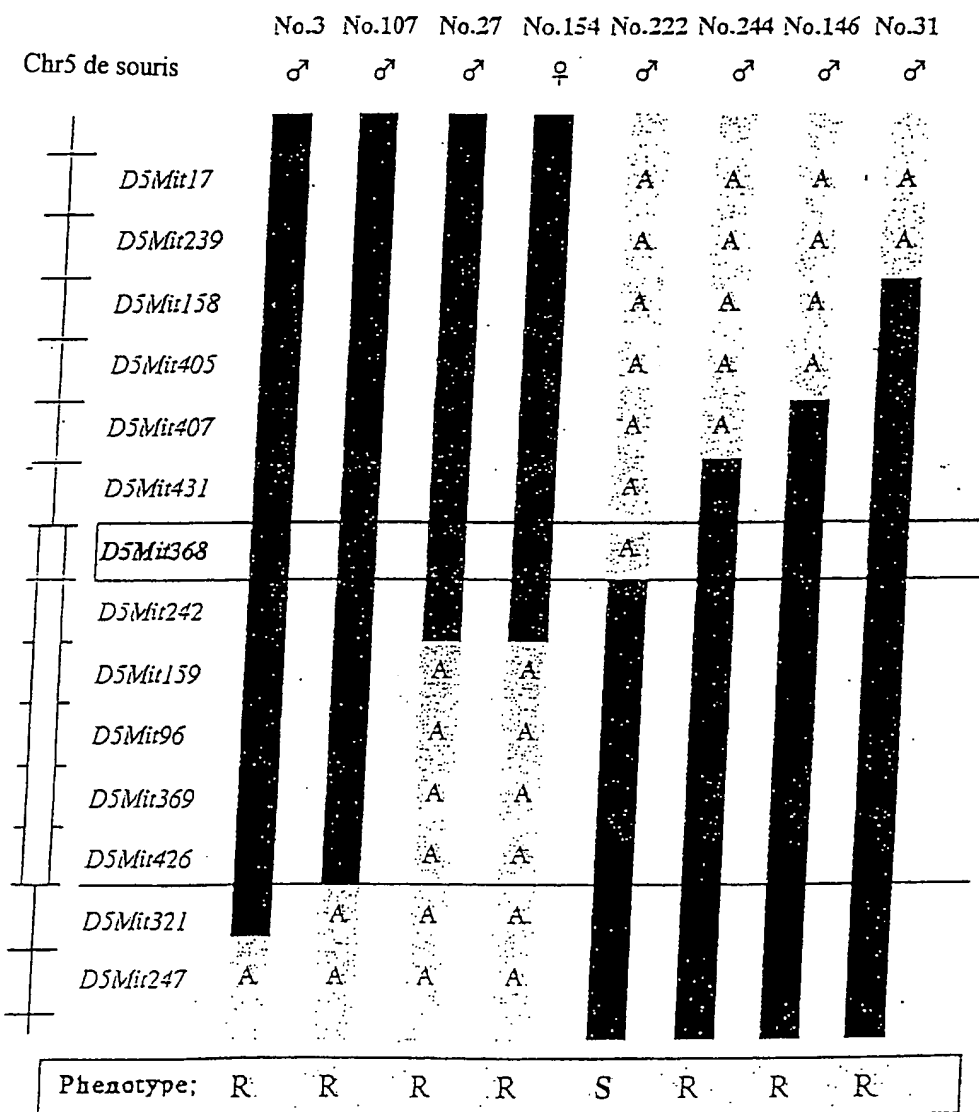


FIGURE 8

12/13

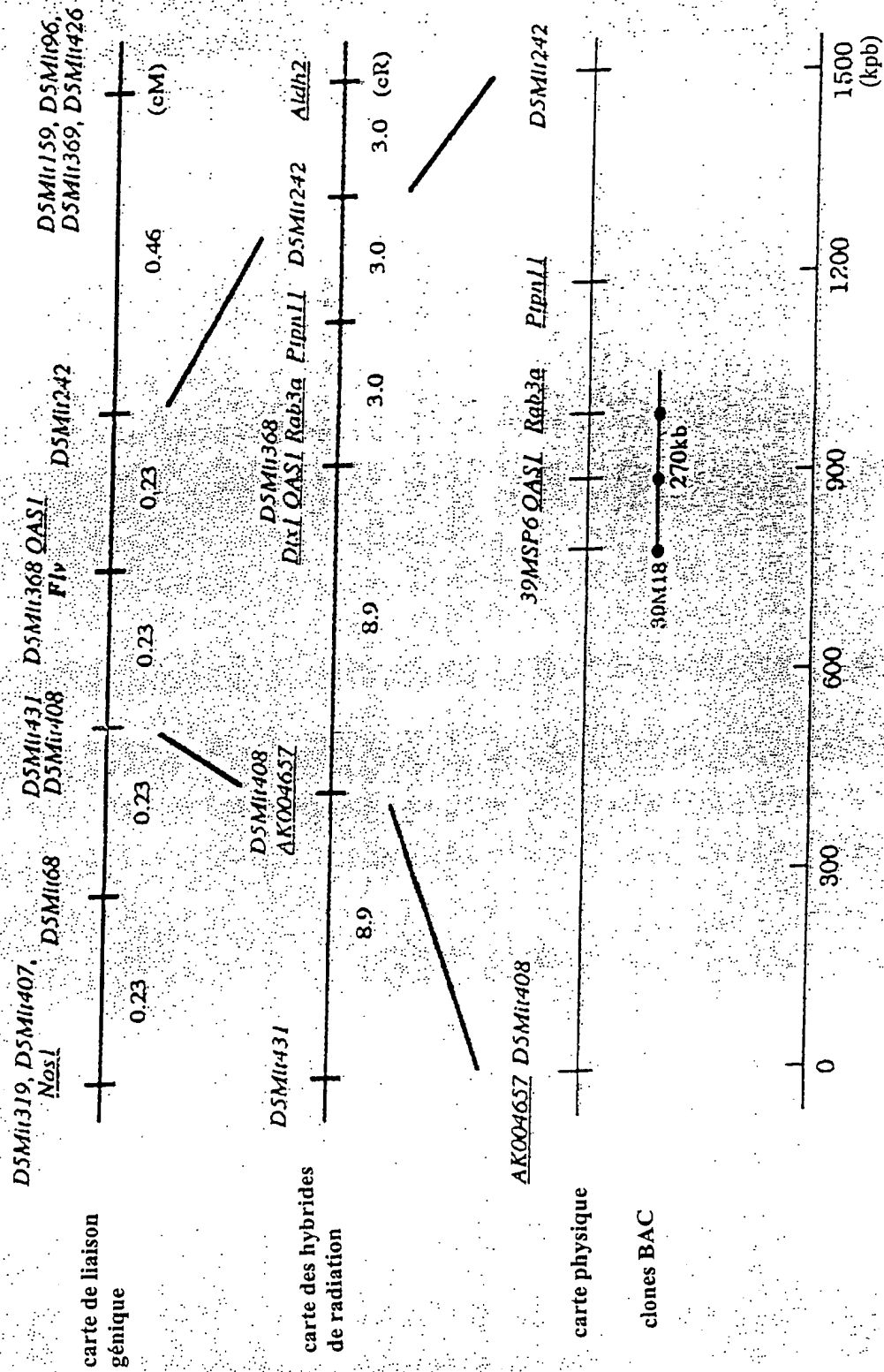


FIGURE 9

Phenotype F/v^*	Survivant	Mort	Total
Résistant ($F/v^* / F/v^*$)		0	108(55%)
Sensible ($F/v^* / F/v^*$)	21		95 (45%)
Total	129 (66%)	74 (34%)	203

* un allèle F/v^* est suffisant pour conférer la résistance.

FIGURE 10

LISTE DE SEQUENCES

<110> INSTITUT PASTEUR
 <120> SOUCHE NEUROVIRULENTE DU VIRUS WEST NILE ET SES APPLICATIONS
 <130> 226CAS93FR
 <140>
 <141>
 <160> 4
 <170> PatentIn Ver. 2.1
 <210> 1
 <211> 11029
 <212> ARN
 <213> Flavivirus sp.
 <220>
 <221> CDS
 <222> (97)..(10395)
 <400> 1
 agtagttcgc ctgtgtgagc tgacaaactt agtagtggtt gtagaggatta acaacaatta 60
 acacagtgcg agctgtttct tagcacgaag atctcg atg tct aag aaa cca gga 114
 Met Ser Lys Lys Pro Gly
 1 5
 ggg ccc ggc aag agc cgg gct gtc aat atg cta aaa cgc gga atg ccc 162
 Gly Pro Gly Lys Ser Arg Ala Val Asn Met Leu Lys Arg Gly Met Pro
 10 15 20
 cgc gtg ttg tcc ttg att gga ctg aag agg gct atg ttg agc ctg atc 210
 Arg Val Leu Ser Leu Ile Gly Leu Lys Arg Ala Met Leu Ser Leu Ile
 25 30 35
 gac ggc aag ggg cca ata cga ttt gtg ttg gct ctc ttg gcg ttc ttc 258
 Asp Gly Lys Gly Pro Ile Arg Phe Val Leu Ala Leu Leu Ala Phe Phe
 40 45 50
 agg ttc aca gca att gct ccg acc cga gca gtg ctg gat cga tgg aga 306
 Arg Phe Thr Ala Ile Ala Pro Thr Arg Ala Val Leu Asp Arg Trp Arg
 55 60 65 70
 ggt gtg aat aaa caa aca gcg atg aaa cac ctt ctg agt ttt aag aag 354
 Gly Val Asn Lys Gln Thr Ala Met Lys His Leu Leu Ser Phe Lys Lys
 75 80 85
 gaa cta ggg acc ttg acc agt gct atc aat cgg cgg agc tca aaa caa 402
 Glu Leu Gly Thr Leu Thr Ser Ala Ile Asn Arg Arg Ser Ser Lys Gln
 90 95 100

2823218

2

aag aaa aga gga gga aag acc gga att gca gtc atg att ggc ctg atc Lys Lys Arg Gly Gly Lys Thr Gly Ile Ala Val Met Ile Gly Leu Ile 105 110 115	450
gcc agc gta gga gca gtt acc ctc tct aac ttc caa ggg aag gtg atg Ala Ser Val Gly Ala Val Thr Leu Ser Asn Phe Gln Gly Lys Val Met 120 125 130	498
atg acg gta aat gct act gac gtc aca gat gtc atc acg att cca aca Met Thr Val Asn Ala Thr Asp Val Thr Asp Val Ile Thr Ile Pro Thr 135 140 145 150	546
gct gct gga aag aac cta tgc att gtc aga gca atg gat gtg gga tac Ala Ala Gly Lys Asn Leu Cys Ile Val Arg Ala Met Asp Val Gly Tyr 155 160 165	594
atg tgc gat gat act atc act tat gaa tgc cca gtg ctg tcg gct ggt Met Cys Asp Asp Thr Ile Thr Tyr Glu Cys Pro Val Leu Ser Ala Gly 170 175 180	642
aat gat cca gaa gac atc gac tgt tgg tgc aca aag tca gca gtc tac Asn Asp Pro Glu Asp Ile Asp Cys Trp Cys Thr Lys Ser Ala Val Tyr 185 190 195	690
gtc agg tat gga aga tgc acc aag aca cgc cac tca aga cgc agt cgg Val Arg Tyr Gly Arg Cys Thr Lys Thr Arg His Ser Arg Arg Ser Arg 200 205 210	738
agg tca ctg aca gtg cag aca cac gga gaa agc act cta gcg aac aag Arg Ser Leu Thr Val Gln Thr His Gly Glu Ser Thr Leu Ala Asn Lys 215 220 225 230	786
aag ggg gct tgg atg gac agc acc aag gcc aca agg tat ttg gta aaa Lys Gly Ala Trp Met Asp Ser Thr Lys Ala Thr Arg Tyr Leu Val Lys 235 240 245	834
aca gaa tca tgg atc ttg agg aac cct gga tat gcc ctg gtg gca gcc Thr Glu Ser Trp Ile Leu Arg Asn Pro Gly Tyr Ala Leu Val Ala Ala 250 255 260	882
gtc att ggt tgg atg ctt ggg agc aac acc atg cag aga gtt gtg ttt Val Ile Gly Trp Met Leu Gly Ser Asn Thr Met Gln Arg Val Val Phe 265 270 275	930
gtc gtg cta ttg ctt ttg gtg gcc cca gct tac agc ttt aac tgc ctt Val Val Leu Leu Leu Leu Val Ala Pro Ala Tyr Ser Phe Asn Cys Leu 280 285 290	978
gga atg agc aac aga gac ttc ttg gaa gga gtg tct gga gca aca tgg Gly Met Ser Asn Arg Asp Phe Leu Glu Gly Val Ser Gly Ala Thr Trp 295 300 305 310	1026
gtg gat ttg gtt ctc gaa ggc gac agc tgc gtg act atc atg tct aag Val Asp Leu Val Leu Glu Gly Asp Ser Cys Val Thr Ile Met Ser Lys 315 320 325	1074

2823218

3

gac aag cct acc atc gat gtg aag atg atg aat atg gag gcg gcc aac Asp Lys Pro Thr Ile Asp Val Lys Met Met Asn Met Glu Ala Ala Asn 330 335 340	1122
ctg gca gag gtc cgc agt tat tgc tat ttg gct acc gtc agc gat ctc Leu Ala Glu Val Arg Ser Tyr Cys Tyr Leu Ala Thr Val Ser Asp Leu 345 350 355	1170
tcc acc aaa gct gcg tgc ccg acc atg gga gaa gct cac aat gac aaa Ser Thr Lys Ala Ala Cys Pro Thr Met Gly Glu Ala His Asn Asp Lys 360 365 370	1218
cgt gct gac cca gct ttt gtg tgc aga caa gga gtg gtg gac agg gcc Arg Ala Asp Pro Ala Phe Val Cys Arg Gln Gly Val Val Asp Arg Gly 375 380 385 390	1266
tgg ggc aac ggc tgc gga cta ttt ggc aaa gga agc att gac aca tgc Trp Gly Asn Gly Cys Gly Leu Phe Gly Lys Gly Ser Ile Asp Thr Cys 395 400 405	1314
gcc aaa ttt gcc tgc tct acc aag gca ata gga aga acc atc ttg aaa Ala Lys Phe Ala Cys Ser Thr Lys Ala Ile Gly Arg Thr Ile Leu Lys 410 415 420	1362
gag aat atc aag tac gaa gtg gcc att ttt gtc cat gga cca act act Glu Asn Ile Lys Tyr Glu Val Ala Ile Phe Val His Gly Pro Thr Thr 425 430 435	1410
gtg gag tcg cac gga aac tac tcc aca cag gtt gga gcc act cag gca Val Glu Ser His Gly Asn Tyr Ser Thr Gln Val Gly Ala Thr Gln Ala 440 445 450	1458
ggg aga ttc agc atc act cct gcg gcg cct tca tac aca cta aag ctt Gly Arg Phe Ser Ile Thr Pro Ala Ala Pro Ser Tyr Thr Leu Lys Leu 455 460 465 470	1506
gga gaa tat gga gag gtg aca gtg gac tgt gaa cca cgg tca ggg att Gly Glu Tyr Gly Glu Val Thr Val Asp Cys Glu Pro Arg Ser Gly Ile 475 480 485	1554
gac acc aat gca tac tac gtg atg act gtt gga aca aag acg ttc ttg Asp Thr Asn Ala Tyr Tyr Val Met Thr Val Gly Thr Lys Thr Phe Leu 490 495 500	1602
gtc cat cgt gag tgg ttc atg gac ctc aac ctc cct tgg agc agt gct Val His Arg Glu Trp Phe Met Asp Leu Asn Leu Pro Trp Ser Ser Ala 505 510 515	1650
gga agt act gtg tgg agg aac aga gag acg tta atg gag ttt gag gaa Gly Ser Thr Val Trp Arg Asn Arg Glu Thr Leu Met Glu Phe Glu Glu 520 525 530	1698
cca cac gcc acg aag cag tct gtg ata gca ttg ggc tca caa gag gga Pro His Ala Thr Lys Gln Ser Val Ile Ala Leu Gly Ser Gln Glu Gly 535 540 545 550	1746

2823218

4

gct ctg cat caa gct ttg gct gga gcc att cct gtg gaa ttt tca agc	1794
Ala Leu His Gln Ala Leu Ala Gly Ala Ile Pro Val Glu Phe Ser Ser	
555 560 565	
aac act gtc aag ttg acg tcg ggt cat ttg aag tgt aga gtg aag atg	1842
Asn Thr Val Lys Leu Thr Ser Gly His Leu Lys Cys Arg Val Lys Met	
570 575 580	
gaa aaa ttg cag ttg aag gga aca acc tat ggc gtc tgt tca aag gct	1890
Glu Lys Leu Gln Leu Lys Gly Thr Tyr Gly Val Cys Ser Lys Ala	
585 590 595	
ttc aag ttt ctt ggg act ccc gca gac aca ggt cac ggc act gtg gtg	1938
Phe Lys Phe Leu Gly Thr Pro Ala Asp Thr Gly His Gly Thr Val Val	
600 605 610	
ttg gaa ttg cag tac act ggc acg gat gga cct tgc aaa gtt cct atc	1986
Leu Glu Leu Gln Tyr Thr Gly Thr Asp Gly Pro Cys Lys Val Pro Ile	
615 620 625 630	
tcg tca gtg gct tca ttg aac gac cta acg cca gtg ggc aga ttg gtc	2034
Ser Ser Val Ala Ser Leu Asn Asp Leu Thr Pro Val Gly Arg Leu Val	
635 640 645	
act gtc aac cct ttt gtt tca gtg gcc acg gcc aac gct aag gtc ctg	2082
Thr Val Asn Pro Phe Val Ser Val Ala Thr Ala Asn Ala Lys Val Leu	
650 655 660	
att gaa ttg gaa cca ccc ttt gga gac tca tac ata gtg gtg ggc aga	2130
Ile Glu Leu Glu Pro Pro Phe Gly Asp Ser Tyr Ile Val Val Gly Arg	
665 670 675	
gga gaa caa cag att aat cac cat tgg cac aag tct gga agc agc att	2178
Gly Glu Gln Gln Ile Asn His His Trp His Lys Ser Gly Ser Ser Ile	
680 685 690	
ggc aaa gcc ttt aca acc acc ctc aaa gga gcg cag aga cta gcc gct	2226
Gly Lys Ala Phe Thr Thr Thr Leu Lys Gly Ala Gln Arg Leu Ala Ala	
695 700 705 710	
cta gga gac aca gct tgg gac ttt gga tca gtt gga ggg gtg ttc acc	2274
Leu Gly Asp Thr Ala Trp Asp Phe Gly Ser Val Gly Gly Val Phe Thr	
715 720 725	
tca gtt ggg aag gct gtc cat caa gtg ttc gga gga gca ttc cgc tca	2322
Ser Val Gly Lys Ala Val His Gln Val Phe Gly Gly Ala Phe Arg Ser	
730 735 740	
ctg ttc gga ggc atg tcc tgg ata acg caa gga ttg ctg ggg gct ctc	2370
Leu Phe Gly Gly Met Ser Trp Ile Thr Gln Gly Leu Leu Gly Ala Leu	
745 750 755	
ctg ttg tgg atg ggc atc aat gct cgt gat agg tcc ata gct ctc acg	2418
Leu Leu Trp Met Gly Ile Asn Ala Arg Asp Arg Ser Ile Ala Leu Thr	
760 765 770	

5

ttt	ctc	gca	gtt	gga	ggt	gtt	ctg	ctc	ttc	ctc	tcc	gtg	aac	gtg	cac	2466
Phe	Leu	Ala	Val	Gly	Gly	Val	Leu	Leu	Phe	Leu	Ser	Val	Asn	Val	His	
775					780					785					790	
gct	gac	act	ggg	tgt	gcc	ata	gac	atc	agc	cgg	caa	gag	ctg	aga	tgt	2514
Ala	Asp	Thr	Gly	Cys	Ala	Ile	Asp	Ile	Ser	Arg	Gln	Glu	Leu	Arg	Cys	
				795					800					805		
gga	aat	gga	gtg	ttc	ata	cac	aat	gat	gtg	gag	gct	tgg	atg	gac	cgg	2562
Gly	Asn	Gly	Val	Phe	Ile	His	Asn	Asp	Val	Glu	Ala	Trp	Met	Asp	Arg	
			810					815					820			
tac	aag	tat	tac	cct	gaa	acg	cca	caa	ggc	cta	gcc	aag	atc	att	cag	2610
Tyr	Lys	Tyr	Tyr	Pro	Glu	Thr	Pro	Gln	Gly	Leu	Ala	Lys	Ile	Ile	Gln	
			825				830					835				
aaa	gct	cat	aag	gaa	gga	gtg	tgc	ggc	cta	cga	tca	gtt	tcc	aga	ctg	2658
Lys	Ala	His	Lys	Glu	Gly	Val	Cys	Gly	Leu	Arg	Ser	Val	Ser	Arg	Leu	
	840					845					850					
gag	cat	caa	atg	tgg	gaa	gca	gtg	aag	gac	gag	ctg	aac	act	ctt	ttg	2706
Glu	His	Gln	Met	Trp	Glu	Ala	Val	Lys	Asp	Glu	Leu	Asn	Thr	Leu	Leu	
855					860					865					870	
aag	gag	aat	ggc	gtg	gac	ctt	agt	gtc	gtg	gtt	gag	aaa	cag	gag	gga	2754
Lys	Glu	Asn	Gly	Val	Asp	Leu	Ser	Val	Val	Val	Glu	Lys	Gln	Glu	Gly	
				875					880					885		
atg	tac	aag	tca	gca	cct	aaa	cgc	ctc	acc	gcc	acc	acg	gaa	aaa	ttg	2802
Met	Tyr	Lys	Ser	Ala	Pro	Lys	Arg	Leu	Thr	Ala	Thr	Thr	Glu	Lys	Leu	
			890					895					900			
gaa	att	ggc	tgg	aag	gcc	tgg	gga	aag	agt	att	tta	ttt	gca	cca	gaa	2850
Glu	Ile	Gly	Trp	Lys	Ala	Trp	Gly	Lys	Ser	Ile	Leu	Phe	Ala	Pro	Glu	
		905					910					915				
ctc	gcc	aac	aac	acc	ttt	gtg	gtt	gat	ggc	ccg	gag	acc	aag	gaa	tgt	2898
Leu	Ala	Asn	Asn	Thr	Phe	Val	Val	Asp	Gly	Pro	Glu	Thr	Lys	Glu	Cys	
		920				925					930					
ccg	act	cag	aat	cgc	gct	tgg	aat	agc	tta	gaa	gtg	gag	gat	ttt	gga	2946
Pro	Thr	Gln	Asn	Arg	Ala	Trp	Asn	Ser	Leu	Glu	Val	Glu	Asp	Phe	Gly	
935					940					945					950	
ttt	ggc	ctc	acc	agc	act	cgg	atg	ttc	ctg	aag	gtc	aga	gag	agc	aac	2994
Phe	Gly	Leu	Thr	Ser	Thr	Arg	Met	Phe	Leu	Lys	Val	Arg	Glu	Ser	Asn	
				955					960					965		
aca	act	gaa	tgt	gac	tgc	aag	atc	att	gga	acg	gct	gtc	aag	aac	aac	3042
Thr	Thr	Glu	Cys	Asp	Ser	Lys	Ile	Ile	Gly	Thr	Ala	Val	Lys	Asn	Asn	
			970					975								

2823218

6

gat acg tgg aag ctt gaa agg gca gtt ctg ggt gaa gtc aaa tca tgt Asp Thr Trp Lys Leu Glu Arg Ala Val Leu Gly Glu Val Lys Ser Cys 1000 1005 1010	3138
acg tgg cct gag acg cat acc ttg tgg ggc gat gga atc ctt gag agt Thr Trp Pro Glu Thr His Thr Leu Trp Gly Asp Gly Ile Leu Glu Ser 1015 1020 1025 1030	3186
gac ttg ata ata cca gtc aca ctg gcg gga cca cga agc aat cac aat Asp Leu Ile Ile Pro Val Thr Leu Ala Gly Pro Arg Ser Asn His Asn 1035 1040 1045	3234
cgg aga cct ggg tac aag aca caa aac cag ggc cca tgg gac gaa ggc Arg Arg Pro Gly Tyr Lys Thr Gln Asn Gln Gly Pro Trp Asp Glu Gly 1050 1055 1060	3282
cgg gta gag att gac ttc gat tac tgc cca gga act acg gtc acc ctg Arg Val Glu Ile Asp Phe Asp Tyr Cys Pro Gly Thr Thr Val Thr Leu 1065 1070 1075	3330
agt gag agc tgc gga cac cgt gga cct gcc act cgc acc acc aca gag Ser Glu Ser Cys Gly His Arg Gly Pro Ala Thr Arg Thr Thr Thr Glu 1080 1085 1090	3378
agc gga aag ttg ata aca gat tgg tgc tgc agg agc tgc acc tta cca Ser Gly Lys Leu Ile Thr Asp Trp Cys Cys Arg Ser Cys Thr Leu Pro 1095 1100 1105 1110	3426
cca ctg cgc tac caa act gac agc ggc tgt tgg tat ggt atg gag atc Pro Leu Arg Tyr Gln Thr Asp Ser Gly Cys Trp Tyr Gly Met Glu Ile 1115 1120 1125	3474
aga cca cag aga cat gat gaa aag acc ctc gtg cag tca caa gtg aat Arg Pro Gln Arg His Asp Glu Lys Thr Leu Val Gln Ser Gln Val Asn 1130 1135 1140	3522
gct tat aat gct gat atg att gac cct ttt cag ttg ggc ctt ctg gtc Ala Tyr Asn Ala Asp Met Ile Asp Pro Phe Gln Leu Gly Leu Leu Val 1145 1150 1155	3570
gtg ttc ttg gcc acc cag gag gtc ctt cgc aag agg tgg aca gcc aag Val Phe Leu Ala Thr Gln Glu Val Leu Arg Lys Arg Trp Thr Ala Lys 1160 1165 1170	3618
atc agc atg cca gct ata ctg att gct ctg cta gtc ctg gtg ttt ggg Ile Ser Met Pro Ala Ile Leu Ile Ala Leu Leu Val Leu Val Phe Gly 1175 1180 1185 1190	3666
ggc att act tac act gat gtg tta cgc tat gtc atc ttg gtg ggg gca Gly Ile Thr Tyr Thr Asp Val Leu Arg Tyr Val Ile Leu Val Gly Ala 1195 1200 1205	3714
gct ttc gca gaa tct aat tcg gga gga gac gtg gta cac ttg gcg ctc Ala Phe Ala Glu Ser Asn Ser Gly Gly Asp Val Val His Leu Ala Leu 1210 1215 1220	3762

2823218

7

atg gcg acc ttc aag ata caa cca gtg ttt atg gtg gca tcg ttt ctc Met Ala Thr Phe Lys Ile Gln Pro Val Phe Met Val Ala Ser Phe Leu 1225 1230 1235	3810
aaa gcg aga tgg acc aac cag gag aac att ttg ttg atg ttg gcg gct Lys Ala Arg Trp Thr Asn Gln Glu Asn Ile Leu Leu Met Leu Ala Ala 1240 1245 1250	3858
gtt ttc ttt caa atg gct tat cac gat gcc cgc caa att ctg ctc tgg Val Phe Phe Gln Met Ala Tyr His Asp Ala Arg Gln Ile Leu Leu Trp 1255 1260 1265 1270	3906
gag atc cct gat gtg ttg aat tca ctg gcg gta gct tgg atg ata ctg Glu Ile Pro Asp Val Leu Asn Ser Leu Ala Val Ala Trp Met Ile Leu 1275 1280 1285	3954
aga gcc ata aca ttc aca acg aca tca aat gtg gtc gtc ccg ctg cta Arg Ala Ile Thr Phe Thr Thr Thr Ser Asn Val Val Val Pro Leu Leu 1290 1295 1300	4002
gcc ctg cta aca ccc cgg ctg aga tgc ttg aat ctg gat gtg tac agg Ala Leu Leu Thr Pro Arg Leu Arg Cys Leu Asn Leu Asp Val Tyr Arg 1305 1310 1315	4050
ata ctg ctg ttg atg gtc gga ata ggc agc ttg atc agg gag aag agg Ile Leu Leu Met Val Gly Ile Gly Ser Leu Ile Arg Glu Lys Arg 1320 1325 1330	4098
agt gca gct gca aaa aag aaa gga gca agt ctg cta tgc ttg gct cta Ser Ala Ala Ala Lys Lys Lys Gly Ala Ser Leu Leu Cys Leu Ala Leu 1335 1340 1345 1350	4146
gcc tca aca gga ctt ttc aac ccc atg atc ctt gct gct gga ctg att Ala Ser Thr Gly Leu Phe Asn Pro Met Ile Leu Ala Ala Gly Leu Ile 1355 1360 1365	4194
gca tgt gat ccc aac cgt aaa cgc gga tgg ccc gca act gaa gtg atg Ala Cys Asp Pro Asn Arg Lys Arg Gly Trp Pro Ala Thr Glu Val Met 1370 1375 1380	4242
aca gct gtc ggc cta atg ttt gcc atc gtc gga ggg ctg gca gag ctt Thr Ala Val Gly Leu Met Phe Ala Ile Val Gly Gly Leu Ala Glu Leu 1385 1390 1395	4290
gac att gac tcc atg gcc att cca atg act atc gcg ggg ctc atg ttt Asp Ile Asp Ser Met Ala Ile Pro Met Thr Ile Ala Gly Leu Met Phe 1400 1405 1410	4338
gct gct ttc gtg att tct ggg aaa tca aca gat atg tgg att gag aga Ala Ala Phe Val Ile Ser Gly Lys Ser Thr Asp Met Trp Ile Glu Arg 1415 1420 1425 1430	4386
acg gcg gac att tcc tgg gaa agt gat gca gaa att aca ggc tcg agc Thr Ala Asp Ile Ser Trp Glu Ser Asp Ala Glu Ile Thr Gly Ser Ser 1435 1440 1445	4434

2823218

8

gaa aga gtt gat gtt cgg ctt gat gat ggt gaa aac ttc cag ctc atg Glu Arg Val Asp Val Arg Leu Asp Asp Gly Glu Asn Phe Gln Leu Met 1450 1455 1460	4482
aat gat cca gga gca cct tgg aag ata tgg atg ctc aga atg gtc tgt Asn Asp Pro Gly Ala Pro Trp Lys Ile Trp Met Leu Arg Met Val Cys 1465 1470 1475	4530
ctc gcg att agt gcg tac acc ccc tgg gca atc ttg ccc tca gta gtt Leu Ala Ile Ser Ala Tyr Thr Pro Trp Ala Ile Leu Pro Ser Val Val 1480 1485 1490	4578
gga ttt tgg ata act ctc caa tac aca aag aga gga ggt gtg ttg tgg Gly Phe Trp Ile Thr Leu Gln Tyr Thr Lys Arg Gly Gly Val Leu Trp 1495 1500 1505 1510	4626
gac act ccc tca cca aag gag tac aaa aag ggg gac acg acc acc ggc Asp Thr Pro Ser Pro Lys Glu Tyr Lys Lys Gly Asp Thr Thr Thr Gly 1515 1520 1525	4674
gtc tac agg atc atg act cgt ggg ctg ctc ggc agt tat caa gca gga Val Tyr Arg Ile Met Thr Arg Gly Leu Leu Gly Ser Tyr Gln Ala Gly 1530 1535 1540	4722
gcg ggc gtg atg gtt gaa ggt gtt ttc cac acc ctt tgg cat aca aca Ala Gly Val Met Val Glu Gly Val Phe His Thr Leu Trp His Thr Thr 1545 1550 1555	4770
aaa gga gcc gct ttg atg agc gga gag ggc cgc ctg gac cca tac tgg Lys Gly Ala Ala Leu Met Ser Gly Glu Gly Arg Leu Asp Pro Tyr Trp 1560 1565 1570	4818
ggc agt gtc aag gag gat cga ctt tgt tac gga gga ccc tgg aaa ttg Gly Ser Val Lys Glu Asp Arg Leu Cys Tyr Gly Gly Pro Trp Lys Leu 1575 1580 1585 1590	4866
cag cac aag tgg aac ggg cag gat gag gtg cag atg att gtg gtg gaa Gln His Lys Trp Asn Gly Gln Asp Glu Val Gln Met Ile Val Val Glu 1595 1600 1605	4914
cct ggc aag aac gtt aag aac gtc cag acg aaa cca ggg gtg ttc aaa Pro Gly Lys Asn Val Lys Asn Val Gln Thr Lys Pro Gly Val Phe Lys 1610 1615 1620	4962
aca cct gaa gga gaa atc ggg gcc gtg act ttg gac ttc ccc act gga Thr Pro Glu Gly Glu Ile Gly Ala Val Thr Leu Asp Phe Pro Thr Gly 1625 1630 1635	5010
aca tca ggc tca cca ata gtg gac aaa aac ggt gat gtg att ggg ctt Thr Ser Gly Ser Pro Ile Val Asp Lys Asn Gly Asp Val Ile Gly Leu 1640 1645 1650	5058
tat ggc aat gga gtc ata atg ccc aac ggc tca tac ata agc gcg ata Tyr Gly Asn Gly Val Ile Met Pro Asn Gly Ser Tyr Ile Ser Ala Ile 1655 1660 1665 1670	5106

2823218

9

gtg cag ggt gaa agg atg gat gag cca atc cca gcc gga ttc gaa cct Val Gln Gly Glu Arg Met Asp Glu Pro Ile Pro Ala Gly Phe Glu Pro 1675 1680 1685	5154
gag atg ctg agg aaa aaa cag atc act gta ctg gat ctc cat ccc ggc Glu Met Leu Arg Lys Lys Gln Ile Thr Val Leu Asp Leu His Pro Gly 1690 1695 1700	5202
gcc ggt aaa aca agg agg att ctg cca cag atc atc aaa gag gcc ata Ala Gly Lys Thr Arg Arg Ile Leu Pro Gln Ile Ile Lys Glu Ala Ile 1705 1710 1715	5250
aac aga aga ctg aga aca gcc gtg cta gca cca acc agg gtt gtg gct Asn Arg Arg Leu Arg Thr Ala Val Leu Ala Pro Thr Arg Val Val Ala 1720 1725 1730	5298
gct gag atg gct gaa gca ctg aga gga ctg ccc atc cgg tac cag aca Ala Glu Met Ala Glu Ala Leu Arg Gly Leu Pro Ile Arg Tyr Gln Thr 1735 1740 1745 1750	5346
tcc gca gtg ccc aga gaa cat aat gga aat gag att gtt gat gtc atg Ser Ala Val Pro Arg Glu His Asn Gly Asn Glu Ile Val Asp Val Met 1755 1760 1765	5394
tgt cat gct acc ctc acc cac agg ctg atg tct cct cac agg gtg ccg Cys His Ala Thr Leu Thr His Arg Leu Met Ser Pro His Arg Val Pro 1770 1775 1780	5442
aac tac aac ctg ttc gtg atg gat gag gct cat ttc acc gac cca gct Asn Tyr Asn Leu Phe Val Met Asp Glu Ala His Phe Thr Asp Pro Ala 1785 1790 1795	5490
agt atc gca gca aga ggt tac att tcc aca aag gtc gag cta ggg gag Ser Ile Ala Ala Arg Gly Tyr Ile Ser Thr Lys Val Glu Leu Gly Glu 1800 1805 1810	5538
gcg gcg gca ata ttc atg aca gcc acc cca cca ggc act tca gat cca Ala Ala Ala Ile Phe Met Thr Ala Thr Pro Pro Gly Thr Ser Asp Pro 1815 1820 1825 1830	5586
ttc cca gag tcc aat tca cca att tcc gac tta cag act gag atc ccg Phe Pro Glu Ser Asn Ser Pro Ile Ser Asp Leu Gln Thr Glu Ile Pro 1835 1840 1845	5634
gat cga gct tgg aac tct gga tac gaa tgg atc aca gaa tac acc ggg Asp Arg Ala Trp Asn Ser Gly Tyr Glu Trp Ile Thr Glu Tyr Thr Gly 1850 1855 1860	5682
aag acg gtt tgg ttt gtg cct agt gtc aag atg ggg aat gag att gcc Lys Thr Val Trp Phe Val Pro Ser Val Lys Met Gly Asn Glu Ile Ala 1865 1870 1875	5730
ctt tgc cta caa cgt gct gga aag aaa gta gtc caa ttg aac aga aag Leu Cys Leu Gln Arg Ala Gly Lys Lys Val Val Gln Leu Asn Arg Lys 1880 1885 1890	5778

2823218

10

tcg tac gag acg gag tac cca aaa tgt aag aac gat gat tgg gac ttt Ser Tyr Glu Thr Glu Tyr Pro Lys Cys Lys Asn Asp Asp Trp Asp Phe 1895 1900 1905 1910	5826
gtt atc aca aca gac ata tct gaa atg ggg gct aac ttc aag gcg agc Val Ile Thr Thr Asp Ile Ser Glu Met Gly Ala Asn Phe Lys Ala Ser 1915 1920 1925	5874
agg gtg att gac agc cgg aag agt gtg aaa cca acc atc ata aca gaa Arg Val Ile Asp Ser Arg Lys Ser Val Lys Pro Thr Ile Ile Thr Glu 1930 1935 1940	5922
gga gaa ggg aga gtg atc ctg gga gaa cca tct gca gtg aca gca gct Gly Glu Gly Arg Val Ile Leu Gly Glu Pro Ser Ala Val Thr Ala Ala 1945 1950 1955	5970
agt gcc gcc cag aga cgt gga cgt atc ggt aga aat ccg tcg caa gtt Ser Ala Ala Gln Arg Arg Gly Arg Ile Gly Arg Asn Pro Ser Gln Val 1960 1965 1970	6018
ggt gat gag tac tgt tat ggg ggg cac acg aat gaa gac gac tcg aac Gly Asp Glu Tyr Cys Tyr Gly Gly His Thr Asn Glu Asp Asp Ser Asn 1975 1980 1985 1990	6066
ttc gcc cat tgg act gag gca cga atc atg ccg gac aac atc aac atg Phe Ala His Trp Thr Glu Ala Arg Ile Met Pro Asp Asn Ile Asn Met 1995 2000 2005	6114
cca aac gga ctg atc gct caa ttc tac caa cca gag cgt gag aag gta Pro Asn Gly Leu Ile Ala Gln Phe Tyr Gln Pro Glu Arg Glu Lys Val 2010 2015 2020	6162
tat acc atg gag ggg gaa tac cgg ctc aga gga gaa gag agg aaa aac Tyr Thr Met Glu Gly Glu Tyr Arg Leu Arg Gly Glu Glu Arg Lys Asn 2025 2030 2035	6210
ttt ctg gaa ctg ttg agg act gca gat ctg cca gtt tgg ctg gct tac Phe Leu Glu Leu Leu Arg Thr Ala Asp Leu Pro Val Trp Leu Ala Tyr 2040 2045 2050	6258
aag gtt gca gcg gct gga gtg tca tac cac gac cgg agg tgg tgc ttt Lys Val Ala Ala Ala Gly Val Ser Tyr His Asp Arg Arg Trp Cys Phe 2055 2060 2065 2070	6306
gat ggt cct agg aca aac aca att tta gaa gac aac aac gaa gtg gaa Asp Gly Pro Arg Thr Asn Thr Ile Leu Glu Asp Asn Asn Glu Val Glu 2075 2080 2085	6354
gtc atc acg aag ctt ggt gaa agg aag att ctg agg ccg cgc tgg att Val Ile Thr Lys Leu Gly Glu Arg Lys Ile Leu Arg Pro Arg Trp Ile 2090 2095 2100	6402
gac gcc agg gtg tac tcg gat cac cag gca cta aag gcg ttc aag gac Asp Ala Arg Val Tyr Ser Asp His Gln Ala Leu Lys Ala Phe Lys Asp 2105 2110 2115	6450

2823218

11

ttc gcc tcg gga aaa cgt tct cag ata ggg ctc att gag gtt ctg gga Phe Ala Ser Gly Lys Arg Ser Gln Ile Gly Leu Ile Glu Val Leu Gly 2120 2125 2130	6498
aag atg cct gag cac ttc atg ggg aag aca tgg gaa gca ctt gac acc Lys Met Pro Glu His Phe Met Gly Lys Thr Trp Glu Ala Leu Asp Thr 2135 2140 2145 2150	6546
atg tac gtt gtg gcc act gca gag aaa gga gga aga gct cac aga atg Met Tyr Val Val Ala Thr Ala Glu Lys Gly Gly Arg Ala His Arg Met 2155 2160 2165	6594
gcc ctg gag gaa ctg cca gat gct ctt cag aca att gcc ttg att gcc Ala Leu Glu Glu Leu Pro Asp Ala Leu Gln Thr Ile Ala Leu Ile Ala 2170 2175 2180	6642
tta ttg agt gtg atg acc atg gga gta ttc ttc ctc ctc atg cag cgg Leu Leu Ser Val Met Thr Met Gly Val Phe Phe Leu Leu Met Gln Arg 2185 2190 2195	6690
aag ggc att gga aag ata ggt ttg gga ggc gct gtc ttg gga gtc gcg Lys Gly Ile Gly Lys Ile Gly Leu Gly Gly Ala Val Leu Gly Val Ala 2200 2205 2210	6738
acc ttt ttc tgt tgg atg gct gaa gtt cca gga acg aag atc gcc gga Thr Phe Phe Cys Trp Met Ala Glu Val Pro Gly Thr Lys Ile Ala Gly 2215 2220 2225 2230	6786
atg ttg ctg ctc tcc ctt ctc ttg atg att gtg cta att cct gag cca Met Leu Leu Leu Ser Leu Leu Leu Met Ile Val Leu Ile Pro Glu Pro 2235 2240 2245	6834
gag aag caa cgt tcg cag aca gac aac cag cta gcc gtg ttc ctg att Glu Lys Gln Arg Ser Gln Thr Asp Asn Gln Leu Ala Val Phe Leu Ile 2250 2255 2260	6882
tgt gtc atg acc ctt gtg agc gca gtg gca gcc aac gag atg ggt tgg Cys Val Met Thr Leu Val Ser Ala Val Ala Ala Asn Glu Met Gly Trp 2265 2270 2275	6930
cta gac aag acc aag agt gac ata agc agt ttg ttt ggg caa aga att Leu Asp Lys Thr Lys Ser Asp Ile Ser Ser Leu Phe Gly Gln Arg Ile 2280 2285 2290	6978
gag gtc aag gag aat ttc agc atg gga gag ttt ctt ctg gac ttg agg Glu Val Lys Glu Asn Phe Ser Met Gly Glu Phe Leu Leu Asp Leu Arg 2295 2300 2305 2310	7026
ccg gca aca gcc tgg tca ctg tac gct gtg aca aca gcg gtc ctc act Pro Ala Thr Ala Trp Ser Leu Tyr Ala Val Thr Thr Ala Val Leu Thr 2315 2320 2325	7074
cca ctg cta aag cat ttg atc acg tca gat tac atc aac acc tca ttg Pro Leu Leu Lys His Leu Ile Thr Ser Asp Tyr Ile Asn Thr Ser Leu 2330 2335 2340	7122

2823218

12

acc tca ata aac gtt cag gca agt gca cta ttc aca ctc gcg cga ggc Thr Ser Ile Asn Val Gln Ala Ser Ala Leu Phe Thr Leu Ala Arg Gly 2345 2350 2355	7170
ttc ccc ttc gtc gat gtt gga gtg tcg gct ctc ctg cta gca gcc gga Phe Pro Phe Val Asp Val Gly Val Ser Ala Leu Leu Leu Ala Ala Gly 2360 2365 2370	7218
tgc tgg gga caa gtc acc ctc acc gtt acg gta aca gcg gca aca ctc Cys Trp Gly Gln Val Thr Leu Thr Val Thr Val Thr Ala Ala Thr Leu 2375 2380 2385 2390	7266
ctt ttt tgc cac tat gcc tac atg gtt ccc ggt tgg caa gct gag gca Leu Phe Cys His Tyr Ala Tyr Met Val Pro Gly Trp Gln Ala Glu Ala 2395 2400 2405	7314
atg cgc tca gcc cag cgg cgg aca gcg gcc gga atc atg aaa aac gct Met Arg Ser Ala Gln Arg Arg Thr Ala Ala Gly Ile Met Lys Asn Ala 2410 2415 2420	7362
gta gtg gat ggc atc gtg gcc acg gac gtc cca gaa tta gag cgc acc Val Val Asp Gly Ile Val Ala Thr Asp Val Pro Glu Leu Glu Arg Thr 2425 2430 2435	7410
aca ccc atc atg cag aag aaa gtt gga cag atc atg ctg atc ttg gtg Thr Pro Ile Met Gln Lys Lys Val Gly Gln Ile Met Leu Ile Leu Val 2440 2445 2450	7458
tct cta gct gca gta gta gtg aac ccg tct gtg aag aca gta cga gaa Ser Leu Ala Ala Val Val Val Asn Pro Ser Val Lys Thr Val Arg Glu 2455 2460 2465 2470	7506
gcc gga att ttg atc acg gcc gca gcg gtg acg ctt tgg gag aat gga Ala Gly Ile Leu Ile Thr Ala Ala Ala Val Thr Leu Trp Glu Asn Gly 2475 2480 2485	7554
gca agc tct gtt tgg aac gca aca act gcc atc gga ctc tgc cac atc Ala Ser Ser Val Trp Asn Ala Thr Thr Ala Ile Gly Leu Cys His Ile 2490 2495 2500	7602
atg cgt ggg ggt tgg ttg tca tgt cta tcc ata aca tgg aca ctc ata Met Arg Gly Gly Trp Leu Ser Cys Leu Ser Ile Thr Trp Thr Leu Ile 2505 2510 2515	7650
aag aac atg gaa aaa cca gga cta aaa aga ggt ggg gca aaa gga cgc Lys Asn Met Glu Lys Pro Gly Leu Lys Arg Gly Gly Ala Lys Gly Arg 2520 2525 2530	7698
acc ttg gga gag gtt tgg aaa gaa aga ctc aac cag atg aca aaa gaa Thr Leu Gly Glu Val Trp Lys Glu Arg Leu Asn Gln Met Thr Lys Glu 2535 2540 2545 2550	7746
gag ttc act agg tac cgc aaa gag gcc atc atc gaa gtc gat cgc tca Glu Phe Thr Arg Tyr Arg Lys Glu Ala Ile Ile Glu Val Asp Arg Ser 2555 2560 2565	7794

2823218

13

gcg gca aaa cac gcc agg aaa gaa ggc aat gtc act gga ggg cat tca Ala Ala Lys His Ala Arg Lys Glu Gly Asn Val Thr Gly Gly His Ser 2570 2575 2580	7842
gtc tct agg ggc aca gca aaa ctg aga tgg ctg gtc gaa cgg agg ttt Val Ser Arg Gly Thr Ala Lys Leu Arg Trp Leu Val Glu Arg Arg Phe 2585 2590 2595	7890
ctc gaa ccg gtc gga aaa gtg att gac ctt gga tgt gga aga ggc ggt Leu Glu Pro Val Gly Lys Val Ile Asp Leu Gly Cys Gly Arg Gly Gly 2600 2605 2610	7938
tgg tgt tac tat atg gca acc caa aaa aga gtc caa gaa gtc aga ggg Trp Cys Tyr Tyr Met Ala Thr Gln Lys Arg Val Gln Glu Val Arg Gly 2615 2620 2625 2630	7986
tac aca aag ggc ggt ccc gga cat gaa gag ccc caa cta gtg caa agt Tyr Thr Lys Gly Gly Pro Gly His Glu Glu Pro Gln Leu Val Gln Ser 2635 2640 2645	8034
tat gga tgg aac att gtc acc atg aag agt gga gtg gat gtg ttc tac Tyr Gly Trp Asn Ile Val Thr Met Lys Ser Gly Val Asp Val Phe Tyr 2650 2655 2660	8082
aga cct tct gag tgt tgt gac acc ctc ctt tgt gac atc gga gag tcc Arg Pro Ser Glu Cys Cys Asp Thr Leu Leu Cys Asp Ile Gly Glu Ser 2665 2670 2675	8130
tcg tca agt gct gag gtt gaa gag cat agg acg att cgt gtc ctt gaa Ser Ser Ser Ala Glu Val Glu Glu His Arg Thr Ile Arg Val Leu Glu 2680 2685 2690	8178
atg gtt gag gac tgg ctg cac cga ggg cca agg gaa ttt tgc gtg aag Met Val Glu Asp Trp Leu His Arg Gly Pro Arg Glu Phe Cys Val Lys 2695 2700 2705 2710	8226
gtg ctc tgc ccc tac atg ccg aaa gtc ata gag aag atg gag ctg ctc Val Leu Cys Pro Tyr Met Pro Lys Val Ile Glu Lys Met Glu Leu Leu 2715 2720 2725	8274
caa cgc cgg tat ggg ggg gga ctg gtc aga aac cca ctc tca cgg aat Gln Arg Arg Tyr Gly Gly Leu Val Arg Asn Pro Leu Ser Arg Asn 2730 2735 2740	8322
tcc acg cac gag atg tat tgg gtg agt cga gct tca ggc aat gtg gta Ser Thr His Glu Met Tyr Trp Val Ser Arg Ala Ser Gly Asn Val Val 2745 2750 2755	8370
cat tca gtg aat atg acc agc cag gtg ctc cta gga aga atg gaa aaa His Ser Val Asn Met Thr Ser Gln Val Leu Leu Gly Arg Met Glu Lys 2760 2765 2770	8418
agg acc tgg aag gga ccc caa tac gag gaa gat gta aac ttg gga agc Arg Thr Trp Lys Gly Pro Gln Tyr Glu Glu Asp Val Asn Leu Gly Ser 2775 2780 2785 2790	8466

2823218

14

gga acc agg gcg gtg gga aaa ccc ctg ctc aac tca gac acc agt aaa Gly Thr Arg Ala Val Gly Lys Pro Leu Leu Asn Ser Asp Thr Ser Lys	8514
2795 2800 2805	
atc aac aac agg att gaa cga ctc agg cgt gag tac agt tcg acg tgg Ile Asn Asn Arg Ile Glu Arg Leu Arg Arg Glu Tyr Ser Ser Thr Trp	8562
2810 2815 2820	
cac cac gat gag aac cac cca tat aga acc tgg aac tat cac ggc agt His His Asp Glu Asn His Pro Tyr Arg Thr Trp Asn Tyr His Gly Ser	8610
2825 2830 2835	
tat gat gtg aag ccc aca ggc tcc gcc agt tcg ctg gtc aat gga gtg Tyr Asp Val Lys Pro Thr Gly Ser Ala Ser Ser Leu Val Asn Gly Val	8658
2840 2845 2850	
gtc agg ctc ctc tca aaa cca tgg gac acc atc acg aat gtt acc acc Val Arg Leu Leu Ser Lys Pro Trp Asp Thr Ile Thr Asn Val Thr Thr	8706
2855 2860 2865 2870	
atg gcc atg act gac act act ccc ttc ggg cag cag cga gtg ttc aaa Met Ala Met Thr Asp Thr Thr Pro Phe Gly Gln Gln Arg Val Phe Lys	8754
2875 2880 2885	
gag aag gtg gac acg aaa gct cct gaa ccg cca gaa gga gcg aag tac Glu Lys Val Asp Thr Lys Ala Pro Glu Pro Pro Glu Gly Ala Lys Tyr	8802
2890 2895 2900	
gtg ctc aac gag acc acc aac tgg ttg tgg gcg ttt ttg gcc aga gaa Val Leu Asn Glu Thr Thr Asn Trp Leu Trp Ala Phe Leu Ala Arg Glu	8850
2905 2910 2915	
aaa cgt ccc aga atg tgc tct cga gag gaa ttc ata aga aag gtc aac Lys Arg Pro Arg Met Cys Ser Arg Glu Glu Phe Ile Arg Lys Val Asn	8898
2920 2925 2930	
agc aat gca gct ttg ggt gcc atg ttt gaa gag cag aat caa tgg agg Ser Asn Ala Ala Leu Gly Ala Met Phe Glu Glu Gln Asn Gln Trp Arg	8946
2935 2940 2945 2950	
agc gcc aga gaa gca gtt gaa gat cca aaa ttt tgg gag atg gtg gat Ser Ala Arg Glu Ala Val Glu Asp Pro Lys Phe Trp Glu Met Val Asp	8994
2955 2960 2965	
gag gag cgc gag gca cat ctg cgg ggg gaa tgt cac act tgc att tac Glu Glu Arg Glu Ala His Leu Arg Gly Glu Cys His Thr Cys Ile Tyr	9042
2970 2975 2980	
aac atg atg gga aag aga gag aaa aaa ccc gga gag ttc gga aag gcc Asn Met Met Gly Lys Arg Glu Lys Lys Pro Gly Glu Phe Gly Lys Ala	9090
2985 2990 2995	
aag gga agc aga gcc att tgg ttc atg tgg ctc gga gct cgc ttt ctg Lys Gly Ser Arg Ala Ile Trp Phe Met Trp Leu Gly Ala Arg Phe Leu	9138
3000 3005 3010	

2823218

15

gag ttc gag gct ctg ggt ttt ctc aat gaa gac cac tgg ctt gga aga Glu Phe Glu Ala Leu Gly Phe Leu Asn Glu Asp His Trp Leu Gly Arg 3015 3020 3025 3030	9186
aag aac tca gga gga ggt gtc gag ggc ttg ggc ctc caa aaa ctg ggt Lys Asn Ser Gly Gly Val Glu Gly Leu Gly Leu Gln Lys Leu Gly 3035 3040 3045	9234
tac atc ctg cgt gaa gtt ggc acc cgg cct ggg ggc aag atc tat gct Tyr Ile Leu Arg Glu Val Gly Thr Arg Pro Gly Gly Lys Ile Tyr Ala 3050 3055 3060	9282
gat gac aca gct ggc tgg gac acc cgc atc acg aga gct gac ttg gaa Asp Asp Thr Ala Gly Trp Asp Thr Arg Ile Thr Arg Ala Asp Leu Glu 3065 3070 3075	9330
aat gaa gct aag gtg ctt gag ctg ctt gat ggg gaa cat cgg cgt ctt Asn Glu Ala Lys Val Leu Glu Leu Leu Asp Gly Glu His Arg Arg Leu 3080 3085 3090	9378
gcc agg gcc atc att gag ctc acc tat cgt cac aaa gtt gtg aaa gtg Ala Arg Ala Ile Ile Glu Leu Thr Tyr Arg His Lys Val Val Lys Val 3095 3100 3105 3110	9426
atg cgc ccg gct gct gat gga aga acc gtc atg gat gtt atc tcc aga Met Arg Pro Ala Ala Asp Gly Arg Thr Val Met Asp Val Ile Ser Arg 3115 3120 3125	9474
gaa gat cag agg ggg agt gga caa gtt gtc acc tac gcc cta aac act Glu Asp Gln Arg Gly Ser Gly Gln Val Val Thr Tyr Ala Leu Asn Thr 3130 3135 3140	9522
ttc acc aac ctg gcc gtc cag ctg gtg agg atg atg gaa ggg gaa gga Phe Thr Asn Leu Ala Val Gln Leu Val Arg Met Met Glu Gly Glu Gly 3145 3150 3155	9570
gtg att ggc cca gat gat gtg gag aaa ctc aca aaa ggg aaa gga ccc Val Ile Gly Pro Asp Asp Val Glu Lys Leu Thr Lys Gly Lys Gly Pro 3160 3165 3170	9618
aaa gtc agg acc tgg ctg ttt gag aat ggg gaa gaa aga ctc agc cgc Lys Val Arg Thr Trp Leu Phe Glu Asn Gly Glu Glu Arg Leu Ser Arg 3175 3180 3185 3190	9666
atg gct gtc agt gga gat gac tgt gtg gta aag ccc ctg gac gat cgc Met Ala Val Ser Gly Asp Asp Cys Val Val Lys Pro Leu Asp Asp Arg 3195 3200 3205	9714
ttt gcc acc tcg ctc cac ttc ctc aat gct atg tca aag gtt cgc aaa Phe Ala Thr Ser Leu His Phe Leu Asn Ala Met Ser Lys Val Arg Lys 3210 3215 3220	9762
gac atc caa gag tgg aaa ccg tca act gga tgg tat gat tgg cag cag Asp Ile Gln Glu Trp Lys Pro Ser Thr Gly Trp Tyr Asp Trp Gln Gln 3225 3230 3235	9810

2823218

16

gtt cca ttt tgc tca aac cat ttc act gaa ttg atc atg aaa gat gga 9858
 Val Pro Phe Cys Ser Asn His Phe Thr Glu Leu Ile Met Lys Asp Gly
 3240 3245 3250

aga aca ctg gtg gtt cca tgc cga gga cag gat gaa ttg gta ggc aga 9906
 Arg Thr Leu Val Val Pro Cys Arg Gly Gln Asp Glu Leu Val Gly Arg
 3255 3260 3265 3270

gct cgc ata tct cca ggg gcc gga tgg aac gtc cgc gac act gct tgt 9954
 Ala Arg Ile Ser Pro Gly Ala Gly Trp Asn Val Arg Asp Thr Ala Cys
 3275 3280 3285

ctg gct aag tct tat gcc cag atg tgg ctg ctt ctg tac ttc cac aga 10002
 Leu Ala Lys Ser Tyr Ala Gln Met Trp Leu Leu Leu Tyr Phe His Arg
 3290 3295 3300

aga gac ctg cgg ctc atg gcc aac gcc att tgc tcc gct gtc cct gtg 10050
 Arg Asp Leu Arg Leu Met Ala Asn Ala Ile Cys Ser Ala Val Pro Val
 3305 3310 3315

aat tgg gtc cct acc gga aga acc acg tgg tcc atc cat gca gga gga 10098
 Asn Trp Val Pro Thr Gly Arg Thr Trp Ser Ile His Ala Gly Gly
 3320 3325 3330

gag tgg atg aca aca gag gac atg ttg gag gtc tgg aac cgt gtt tgg 10146
 Glu Trp Met Thr Thr Glu Asp Met Leu Glu Val Trp Asn Arg Val Trp
 3335 3340 3345 3350

ata gag gag aat gaa tgg atg gaa gac aaa acc cca gtg gag aaa tgg 10194
 Ile Glu Glu Asn Glu Trp Met Glu Asp Lys Thr Pro Val Glu Lys Trp
 3355 3360 3365

agt gac gtc cca tat tca gga aaa cga gag gac atc tgg tgt ggc agc 10242
 Ser Asp Val Pro Tyr Ser Gly Lys Arg Glu Asp Ile Trp Cys Gly Ser
 3370 3375 3380

ctg att ggc aca aga gcc cga gcc acg tgg gca gaa aac atc cag gtg 10290
 Leu Ile Gly Thr Arg Ala Arg Ala Thr Trp Ala Glu Asn Ile Gln Val
 3385 3390 3395

gct atc aac caa gtc aga gca atc atc gga gat gag aag tat gtg gat 10338
 Ala Ile Asn Gln Val Arg Ala Ile Ile Gly Asp Glu Lys Tyr Val Asp
 3400 3405 3410

tac atg agt tca cta aag aga tat gaa gac aca act ttg gtt gag gac 10386
 Tyr Met Ser Ser Leu Lys Arg Tyr Glu Asp Thr Thr Leu Val Glu Asp
 3415 3420 3425 3430

aca gta ctg tagatattta atcaattgta aatagacaat ataagtatgc 10435
 Thr Val Leu

ataaaaagtgt agttttatag tagtatattag tgggtgtagt gtaaatagtt aagaaaattt 10495

tgaggagaaa gtcaggccgg gaagttcccg ccaccggaag ttgagtagac ggtgctgcct 10555

gcgactcaac cccaggagga ctgggtgaac aaagccgca agtgatccat gtaagccctc 10615

agaaccgtct cggaaggagg accccacatg ttgtaacttc aaagcccaat gtcagaccac 10675

2823218

17

gctacggcgt gctactctgc ggagagtgc gtctgcgata gtgccccagg aggactgggt 10735
 taacaaaggc aaaccaacgc cccacgcggc cctagccccg gtaatggtgt taaccagggc 10795
 gaaaggacta gaggttagag gagacccgc ggtttaaagt gcacggccca gcctgactga 10855
 agctgtaggt cagggaagg actagaggtt agtggagacc ccgtgccaca aaacaccaca 10915
 acaaaacagc atattgacac ctgggataga ctaggagatc ttctgctctg cacaaccagc 10975
 cacacggcac agtgcgccga caatggtggc tgggtgtgcg agaacacagg atct 11029

<210> 2
 <211> 3433
 <212> PRT
 <213> Flavivirus sp.

<400> 2
 Met Ser Lys Lys Pro Gly Gly Pro Gly Lys Ser Arg Ala Val Asn Met
 1 5 10 15
 Leu Lys Arg Gly Met Pro Arg Val Leu Ser Leu Ile Gly Leu Lys Arg
 20 25 30
 Ala Met Leu Ser Leu Ile Asp Gly Lys Gly Pro Ile Arg Phe Val Leu
 35 40 45
 Ala Leu Leu Ala Phe Phe Arg Phe Thr Ala Ile Ala Pro Thr Arg Ala
 50 55 60
 Val Leu Asp Arg Trp Arg Gly Val Asn Lys Gln Thr Ala Met Lys His
 65 70 75 80
 Leu Leu Ser Phe Lys Lys Glu Leu Gly Thr Leu Thr Ser Ala Ile Asn
 85 90 95
 Arg Arg Ser Ser Lys Gln Lys Lys Arg Gly Gly Lys Thr Gly Ile Ala
 100 105 110
 Val Met Ile Gly Leu Ile Ala Ser Val Gly Ala Val Thr Leu Ser Asn
 115 120 125
 Phe Gln Gly Lys Val Met Met Thr Val Asn Ala Thr Asp Val Thr Asp
 130 135 140
 Val Ile Thr Ile Pro Thr Ala Ala Gly Lys Asn Leu Cys Ile Val Arg
 145 150 155 160
 Ala Met Asp Val Gly Tyr Met Cys Asp Asp Thr Ile Thr Tyr Glu Cys
 165 170 175
 Pro Val Leu Ser Ala Gly Asn Asp Pro Glu Asp Ile Asp Cys Trp Cys
 180 185 190
 Thr Lys Ser Ala Val Tyr Val Arg Tyr Gly Arg Cys Thr Lys Thr Arg
 195 200 205

2823218

18

His Ser Arg Arg Ser Arg Arg Ser Leu Thr Val Gln Thr His Gly Glu
210 215 220

Ser Thr Leu Ala Asn Lys Lys Gly Ala Trp Met Asp Ser Thr Lys Ala
225 230 235 240

Thr Arg Tyr Leu Val Lys Thr Glu Ser Trp Ile Leu Arg Asn Pro Gly
245 250 255

Tyr Ala Leu Val Ala Ala Val Ile Gly Trp Met Leu Gly Ser Asn Thr
260 265 270

Met Gln Arg Val Val Phe Val Val Leu Leu Leu Leu Val Ala Pro Ala
275 280 285

Tyr Ser Phe Asn Cys Leu Gly Met Ser Asn Arg Asp Phe Leu Glu Gly
290 295 300

Val Ser Gly Ala Thr Trp Val Asp Leu Val Leu Glu Gly Asp Ser Cys
305 310 315 320

Val Thr Ile Met Ser Lys Asp Lys Pro Thr Ile Asp Val Lys Met Met
325 330 335

Asn Met Glu Ala Ala Asn Leu Ala Glu Val Arg Ser Tyr Cys Tyr Leu
340 345 350

Ala Thr Val Ser Asp Leu Ser Thr Lys Ala Ala Cys Pro Thr Met Gly
355 360 365

Glu Ala His Asn Asp Lys Arg Ala Asp Pro Ala Phe Val Cys Arg Gln
370 375 380

Gly Val Val Asp Arg Gly Trp Gly Asn Gly Cys Gly Leu Phe Gly Lys
385 390 395 400

Gly Ser Ile Asp Thr Cys Ala Lys Phe Ala Cys Ser Thr Lys Ala Ile
405 410 415

Gly Arg Thr Ile Leu Lys Glu Asn Ile Lys Tyr Glu Val Ala Ile Phe
420 425 430

Val His Gly Pro Thr Thr Val Glu Ser His Gly Asn Tyr Ser Thr Gln
435 440 445

Val Gly Ala Thr Gln Ala Gly Arg Phe Ser Ile Thr Pro Ala Ala Pro
450 455 460

Ser Tyr Thr Leu Lys Leu Gly Glu Tyr Gly Glu Val Thr Val Asp Cys
465 470 475 480

Glu Pro Arg Ser Gly Ile Asp Thr Asn Ala Tyr Tyr Val Met Thr Val
485 490 495

Gly Thr Lys Thr Phe Leu Val His Arg Glu Trp Phe Met Asp Leu Asn
500 505 510

2823218

19

Leu Pro Trp Ser Ser Ala Gly Ser Thr Val Trp Arg Asn Arg Glu Thr
515 520 525

Leu Met Glu Phe Glu Glu Pro His Ala Thr Lys Gln Ser Val Ile Ala
530 535 540

Leu Gly Ser Gln Glu Gly Ala Leu His Gln Ala Leu Ala Gly Ala Ile
545 550 555 560

Pro Val Glu Phe Ser Ser Asn Thr Val Lys Leu Thr Ser Gly His Leu
565 570 575

Lys Cys Arg Val Lys Met Glu Lys Leu Gln Leu Lys Gly Thr Thr Tyr
580 585 590

Gly Val Cys Ser Lys Ala Phe Lys Phe Leu Gly Thr Pro Ala Asp Thr
595 600 605

Gly His Gly Thr Val Val Leu Glu Leu Gln Tyr Thr Gly Thr Asp Gly
610 615 620

Pro Cys Lys Val Pro Ile Ser Ser Val Ala Ser Leu Asn Asp Leu Thr
625 630 635 640

Pro Val Gly Arg Leu Val Thr Val Asn Pro Phe Val Ser Val Ala Thr
645 650 655

Ala Asn Ala Lys Val Leu Ile Glu Leu Glu Pro Pro Phe Gly Asp Ser
660 665 670

Tyr Ile Val Val Gly Arg Gly Glu Gln Gln Ile Asn His His Trp His
675 680 685

Lys Ser Gly Ser Ser Ile Gly Lys Ala Phe Thr Thr Thr Leu Lys Gly
690 695 700

Ala Gln Arg Leu Ala Ala Leu Gly Asp Thr Ala Trp Asp Phe Gly Ser
705 710 715 720

Val Gly Gly Val Phe Thr Ser Val Gly Lys Ala Val His Gln Val Phe
725 730 735

Gly Gly Ala Phe Arg Ser Leu Phe Gly Gly Met Ser Trp Ile Thr Gln
740 745 750

Gly Leu Leu Gly Ala Leu Leu Leu Trp Met Gly Ile Asn Ala Arg Asp
755 760 765

Arg Ser Ile Ala Leu Thr Phe Leu Ala Val Gly Gly Val Leu Leu Phe
770 775 780

Leu Ser Val Asn Val His Ala Asp Thr Gly Cys Ala Ile Asp Ile Ser
785 790 795 800

Arg Gln Glu Leu Arg Cys Gly Asn Gly Val Phe Ile His Asn Asp Val
805 810 815

2823218

20

Glu Ala Trp Met Asp Arg Tyr Lys Tyr Tyr Pro Glu Thr Pro Gln Gly
820 825 830

Leu Ala Lys Ile Ile Gln Lys Ala His Lys Glu Gly Val Cys Gly Leu
835 840 845

Arg Ser Val Ser Arg Leu Glu His Gln Met Trp Glu Ala Val Lys Asp
850 855 860

Glu Leu Asn Thr Leu Leu Lys Glu Asn Gly Val Asp Leu Ser Val Val
865 870 875 880

Val Glu Lys Gln Glu Gly Met Tyr Lys Ser Ala Pro Lys Arg Leu Thr
885 890 895

Ala Thr Thr Glu Lys Leu Glu Ile Gly Trp Lys Ala Trp Gly Lys Ser
900 905 910

Ile Leu Phe Ala Pro Glu Leu Ala Asn Asn Thr Phe Val Val Asp Gly
915 920 925

Pro Glu Thr Lys Glu Cys Pro Thr Gln Asn Arg Ala Trp Asn Ser Leu
930 935 940

Glu Val Glu Asp Phe Gly Phe Gly Leu Thr Ser Thr Arg Met Phe Leu
945 950 955 960

Lys Val Arg Glu Ser Asn Thr Thr Glu Cys Asp Ser Lys Ile Ile Gly
965 970 975

Thr Ala Val Lys Asn Asn Leu Ala Ile His Ser Asp Leu Ser Tyr Trp
980 985 990

Ile Glu Ser Arg Leu Asn Asp Thr Trp Lys Leu Glu Arg Ala Val Leu
995 1000 1005

Gly Glu Val Lys Ser Cys Thr Trp Pro Glu Thr His Thr Leu Trp Gly
1010 1015 1020

Asp Gly Ile Leu Glu Ser Asp Leu Ile Ile Pro Val Thr Leu Ala Gly
1025 1030 1035 1040

Pro Arg Ser Asn His Asn Arg Arg Pro Gly Tyr Lys Thr Gln Asn Gln
1045 1050 1055

Gly Pro Trp Asp Glu Gly Arg Val Glu Ile Asp Phe Asp Tyr Cys Pro
1060 1065 1070

Gly Thr Thr Val Thr Leu Ser Glu Ser Cys Gly His Arg Gly Pro Ala
1075 1080 1085

Thr Arg Thr Thr Thr Glu Ser Gly Lys Leu Ile Thr Asp Trp Cys Cys
1090 1095 1100

Arg Ser Cys Thr Leu Pro Pro Leu Arg Tyr Gln Thr Asp Ser Gly Cys
1105 1110 1115 1120

2823218

21

Trp Tyr Gly Met Glu Ile Arg Pro Gln Arg His Asp Glu Lys Thr Leu
1125 1130 1135

Val Gln Ser Gln Val Asn Ala Tyr Asn Ala Asp Met Ile Asp Pro Phe
1140 1145 1150

Gln Leu Gly Leu Leu Val Val Phe Leu Ala Thr Gln Glu Val Leu Arg
1155 1160 1165

Lys Arg Trp Thr Ala Lys Ile Ser Met Pro Ala Ile Leu Ile Ala Leu
1170 1175 1180

Leu Val Leu Val Phe Gly Gly Ile Thr Tyr Thr Asp Val Leu Arg Tyr
1185 1190 1195 1200

Val Ile Leu Val Gly Ala Ala Phe Ala Glu Ser Asn Ser Gly Gly Asp
1205 1210 1215

Val Val His Leu Ala Leu Met Ala Thr Phe Lys Ile Gln Pro Val Phe
1220 1225 1230

Met Val Ala Ser Phe Leu Lys Ala Arg Trp Thr Asn Gln Glu Asn Ile
1235 1240 1245

Leu Leu Met Leu Ala Ala Val Phe Phe Gln Met Ala Tyr His Asp Ala
1250 1255 1260

Arg Gln Ile Leu Leu Trp Glu Ile Pro Asp Val Leu Asn Ser Leu Ala
1265 1270 1275 1280

Val Ala Trp Met Ile Leu Arg Ala Ile Thr Phe Thr Thr Thr Ser Asn
1285 1290 1295

Val Val Val Pro Leu Leu Ala Leu Leu Thr Pro Arg Leu Arg Cys Leu
1300 1305 1310

Asn Leu Asp Val Tyr Arg Ile Leu Leu Leu Met Val Gly Ile Gly Ser
1315 1320 1325

Leu Ile Arg Glu Lys Arg Ser Ala Ala Ala Lys Lys Lys Gly Ala Ser
1330 1335 1340

Leu Leu Cys Leu Ala Leu Ala Ser Thr Gly Leu Phe Asn Pro Met Ile
1345 1350 1355 1360

Leu Ala Ala Gly Leu Ile Ala Cys Asp Pro Asn Arg Lys Arg Gly Trp
1365 1370 1375

Pro Ala Thr Glu Val Met Thr Ala Val Gly Leu Met Phe Ala Ile Val
1380 1385 1390

Gly Gly Leu Ala Glu Leu Asp Ile Asp Ser Met Ala Ile Pro Met Thr
1395 1400 1405

Ile Ala Gly Leu Met Phe Ala Ala Phe Val Ile Ser Gly Lys Ser Thr
1410 1415 1420

2823218

22

Asp Met Trp Ile Glu Arg Thr Ala Asp Ile Ser Trp Glu Ser Asp Ala
425 1430 1435 1440

Glu Ile Thr Gly Ser Ser Glu Arg Val Asp Val Arg Leu Asp Asp Gly
1445 1450 1455

Glu Asn Phe Gln Leu Met Asn Asp Pro Gly Ala Pro Trp Lys Ile Trp
1460 1465 1470

Met Leu Arg Met Val Cys Leu Ala Ile Ser Ala Tyr Thr Pro Trp Ala
1475 1480 1485

Ile Leu Pro Ser Val Val Gly Phe Trp Ile Thr Leu Gln Tyr Thr Lys
1490 1495 1500

Arg Gly Gly Val Leu Trp Asp Thr Pro Ser Pro Lys Glu Tyr Lys Lys
505 1510 1515 1520

Gly Asp Thr Thr Thr Gly Val Tyr Arg Ile Met Thr Arg Gly Leu Leu
1525 1530 1535

Gly Ser Tyr Gln Ala Gly Ala Gly Val Met Val Glu Gly Val Phe His
1540 1545 1550

Thr Leu Trp His Thr Thr Lys Gly Ala Ala Leu Met Ser Gly Glu Gly
1555 1560 1565

Arg Leu Asp Pro Tyr Trp Gly Ser Val Lys Glu Asp Arg Leu Cys Tyr
1570 1575 1580

Gly Gly Pro Trp Lys Leu Gln His Lys Trp Asn Gly Gln Asp Glu Val
585 1590 1595 1600

Gln Met Ile Val Val Glu Pro Gly Lys Asn Val Lys Asn Val Gln Thr
1605 1610 1615

Lys Pro Gly Val Phe Lys Thr Pro Glu Gly Glu Ile Gly Ala Val Thr
1620 1625 1630

Leu Asp Phe Pro Thr Gly Thr Ser Gly Ser Pro Ile Val Asp Lys Asn
1635 1640 1645

Gly Asp Val Ile Gly Leu Tyr Gly Asn Gly Val Ile Met Pro Asn Gly
1650 1655 1660

Ser Tyr Ile Ser Ala Ile Val Gln Gly Glu Arg Met Asp Glu Pro Ile
665 1670 1675 1680

Pro Ala Gly Phe Glu Pro Glu Met Leu Arg Lys Lys Gln Ile Thr Val
1685 1690 1695

Leu Asp Leu His Pro Gly Ala Gly Lys Thr Arg Arg Ile Leu Pro Gln
1700 1705 1710

Ile Ile Lys Glu Ala Ile Asn Arg Arg Leu Arg Thr Ala Val Leu Ala
1715 1720 1725

2823218

23

Pro Thr Arg Val Val Ala Ala Glu Met Ala Glu Ala Leu Arg Gly Leu
1730 1735 1740

Pro Ile Arg Tyr Gln Thr Ser Ala Val Pro Arg Glu His Asn Gly Asn
745 1750 1755 1760

Glu Ile Val Asp Val Met Cys His Ala Thr Leu Thr His Arg Leu Met
1765 1770 1775

Ser Pro His Arg Val Pro Asn Tyr Asn Leu Phe Val Met Asp Glu Ala
1780 1785 1790

His Phe Thr Asp Pro Ala Ser Ile Ala Ala Arg Gly Tyr Ile Ser Thr
1795 1800 1805

Lys Val Glu Leu Gly Glu Ala Ala Ala Ile Phe Met Thr Ala Thr Pro
1810 1815 1820

Pro Gly Thr Ser Asp Pro Phe Pro Glu Ser Asn Ser Pro Ile Ser Asp
825 1830 1835 1840

Leu Gln Thr Glu Ile Pro Asp Arg Ala Trp Asn Ser Gly Tyr Glu Trp
1845 1850 1855

Ile Thr Glu Tyr Thr Gly Lys Thr Val Trp Phe Val Pro Ser Val Lys
1860 1865 1870

Met Gly Asn Glu Ile Ala Leu Cys Leu Gln Arg Ala Gly Lys Lys Val
1875 1880 1885

Val Gln Leu Asn Arg Lys Ser Tyr Glu Thr Glu Tyr Pro Lys Cys Lys
1890 1895 1900

Asn Asp Asp Trp Asp Phe Val Ile Thr Thr Asp Ile Ser Glu Met Gly
905 1910 1915 1920

Ala Asn Phe Lys Ala Ser Arg Val Ile Asp Ser Arg Lys Ser Val Lys
1925 1930 1935

Pro Thr Ile Ile Thr Glu Gly Glu Gly Arg Val Ile Leu Gly Glu Pro
1940 1945 1950

Ser Ala Val Thr Ala Ala Ser Ala Ala Gln Arg Arg Gly Arg Ile Gly
1955 1960 1965

Arg Asn Pro Ser Gln Val Gly Asp Glu Tyr Cys Tyr Gly Gly His Thr
1970 1975 1980

Asn Glu Asp Asp Ser Asn Phe Ala His Trp Thr Glu Ala Arg Ile Met
985 1990 1995 2000

Pro Asp Asn Ile Asn Met Pro Asn Gly Leu Ile Ala Gln Phe Tyr Gln
2005 2010 2015

Pro Glu Arg Glu Lys Val Tyr Thr Met Glu Gly Glu Tyr Arg Leu Arg
2020 2025 2030

2823218

24

Gly Glu Glu Arg Lys Asn Phe Leu Glu Leu Leu Arg Thr Ala Asp Leu
2035 2040 2045

Pro Val Trp Leu Ala Tyr Lys Val Ala Ala Ala Gly Val Ser Tyr His
2050 2055 2060

Asp Arg Arg Trp Cys Phe Asp Gly Pro Arg Thr Asn Thr Ile Leu Glu
065 2070 2075 2080

Asp Asn Asn Glu Val Glu Val Ile Thr Lys Leu Gly Glu Arg Lys Ile
2085 2090 2095

Leu Arg Pro Arg Trp Ile Asp Ala Arg Val Tyr Ser Asp His Gln Ala
2100 2105 2110

Leu Lys Ala Phe Lys Asp Phe Ala Ser Gly Lys Arg Ser Gln Ile Gly
2115 2120 2125

Leu Ile Glu Val Leu Gly Lys Met Pro Glu His Phe Met Gly Lys Thr
2130 2135 2140

Trp Glu Ala Leu Asp Thr Met Tyr Val Val Ala Thr Ala Glu Lys Gly
145 2150 2155 2160

Gly Arg Ala His Arg Met Ala Leu Glu Glu Leu Pro Asp Ala Leu Gln
2165 2170 2175

Thr Ile Ala Leu Ile Ala Leu Leu Ser Val Met Thr Met Gly Val Phe
2180 2185 2190

Phe Leu Leu Met Gln Arg Lys Gly Ile Gly Lys Ile Gly Leu Gly Gly
2195 2200 2205

Ala Val Leu Gly Val Ala Thr Phe Phe Cys Trp Met Ala Glu Val Pro
2210 2215 2220

Gly Thr Lys Ile Ala Gly Met Leu Leu Leu Ser Leu Leu Leu Met Ile
225 2230 2235 2240

Val Leu Ile Pro Glu Pro Glu Lys Gln Arg Ser Gln Thr Asp Asn Gln
2245 2250 2255

Leu Ala Val Phe Leu Ile Cys Val Met Thr Leu Val Ser Ala Val Ala
2260 2265 2270

Ala Asn Glu Met Gly Trp Leu Asp Lys Thr Lys Ser Asp Ile Ser Ser
2275 2280 2285

Leu Phe Gly Gln Arg Ile Glu Val Lys Glu Asn Phe Ser Met Gly Glu
2290 2295 2300

Phe Leu Leu Asp Leu Arg Pro Ala Thr Ala Trp Ser Leu Tyr Ala Val
305 2310 2315 2320

Thr Thr Ala Val Leu Thr Pro Leu Leu Lys His Leu Ile Thr Ser Asp
2325 2330 2335

2823218

25

Tyr Ile Asn Thr Ser Leu Thr Ser Ile Asn Val Gln Ala Ser Ala Leu
2340 2345 2350

Phe Thr Leu Ala Arg Gly Phe Pro Phe Val Asp Val Gly Val Ser Ala
2355 2360 2365

Leu Leu Leu Ala Ala Gly Cys Trp Gly Gln Val Thr Leu Thr Val Thr
2370 2375 2380

Val Thr Ala Ala Thr Leu Leu Phe Cys His Tyr Ala Tyr Met Val Pro
385 2390 2395 2400

Gly Trp Gln Ala Glu Ala Met Arg Ser Ala Gln Arg Arg Thr Ala Ala
2405 2410 2415

Gly Ile Met Lys Asn Ala Val Val Asp Gly Ile Val Ala Thr Asp Val
2420 2425 2430

Pro Glu Leu Glu Arg Thr Thr Pro Ile Met Gln Lys Lys Val Gly Gln
2435 2440 2445

Ile Met Leu Ile Leu Val Ser Leu Ala Ala Val Val Val Asn Pro Ser
2450 2455 2460

Val Lys Thr Val Arg Glu Ala Gly Ile Leu Ile Thr Ala Ala Ala Val
465 2470 2475 2480

Thr Leu Trp Glu Asn Gly Ala Ser Ser Val Trp Asn Ala Thr Thr Ala
2485 2490 2495

Ile Gly Leu Cys His Ile Met Arg Gly Gly Trp Leu Ser Cys Leu Ser
2500 2505 2510

Ile Thr Trp Thr Leu Ile Lys Asn Met Glu Lys Pro Gly Leu Lys Arg
2515 2520 2525

Gly Gly Ala Lys Gly Arg Thr Leu Gly Glu Val Trp Lys Glu Arg Leu
2530 2535 2540

Asn Gln Met Thr Lys Glu Glu Phe Thr Arg Tyr Arg Lys Glu Ala Ile
545 2550 2555 2560

Ile Glu Val Asp Arg Ser Ala Ala Lys His Ala Arg Lys Glu Gly Asn
2565 2570 2575

Val Thr Gly Gly His Ser Val Ser Arg Gly Thr Ala Lys Leu Arg Trp
2580 2585 2590

Leu Val Glu Arg Arg Phe Leu Glu Pro Val Gly Lys Val Ile Asp Leu
2595 2600 2605

Gly Cys Gly Arg Gly Gly Trp Cys Tyr Tyr Met Ala Thr Gln Lys Arg
2610 2615 2620

Val Gln Glu Val Arg Gly Tyr Thr Lys Gly Gly Pro Gly His Glu Glu
625 2630 2635 2640

2823218

26

Pro Gln Leu Val Gln Ser Tyr Gly Trp Asn Ile Val Thr Met Lys Ser
2645 2650 2655

Gly Val Asp Val Phe Tyr Arg Pro Ser Glu Cys Cys Asp Thr Leu Leu
2660 2665 2670

Cys Asp Ile Gly Glu Ser Ser Ser Ser Ala Glu Val Glu Glu His Arg
2675 2680 2685

Thr Ile Arg Val Leu Glu Met Val Glu Asp Trp Leu His Arg Gly Pro
2690 2695 2700

Arg Glu Phe Cys Val Lys Val Leu Cys Pro Tyr Met Pro Lys Val Ile
705 2710 2715 2720

Glu Lys Met Glu Leu Leu Gln Arg Arg Tyr Gly Gly Gly Leu Val Arg
2725 2730 2735

Asn Pro Leu Ser Arg Asn Ser Thr His Glu Met Tyr Trp Val Ser Arg
2740 2745 2750

Ala Ser Gly Asn Val Val His Ser Val Asn Met Thr Ser Gln Val Leu
2755 2760 2765

Leu Gly Arg Met Glu Lys Arg Thr Trp Lys Gly Pro Gln Tyr Glu Glu
2770 2775 2780

Asp Val Asn Leu Gly Ser Gly Thr Arg Ala Val Gly Lys Pro Leu Leu
785 2790 2795 2800

Asn Ser Asp Thr Ser Lys Ile Asn Asn Arg Ile Glu Arg Leu Arg Arg
2805 2810 2815

Glu Tyr Ser Ser Thr Trp His His Asp Glu Asn His Pro Tyr Arg Thr
2820 2825 2830

Trp Asn Tyr His Gly Ser Tyr Asp Val Lys Pro Thr Gly Ser Ala Ser
2835 2840 2845

Ser Leu Val Asn Gly Val Val Arg Leu Leu Ser Lys Pro Trp Asp Thr
2850 2855 2860

Ile Thr Asn Val Thr Thr Met Ala Met Thr Asp Thr Thr Pro Phe Gly
865 2870 2875 2880

Gln Gln Arg Val Phe Lys Glu Lys Val Asp Thr Lys Ala Pro Glu Pro
2885 2890 2895

Pro Glu Gly Ala Lys Tyr Val Leu Asn Glu Thr Thr Asn Trp Leu Trp
2900 2905 2910

Ala Phe Leu Ala Arg Glu Lys Arg Pro Arg Met Cys Ser Arg Glu Glu
2915 2920 2925

Phe Ile Arg Lys Val Asn Ser Asn Ala Ala Leu Gly Ala Met Phe Glu
2930 2935 2940

2823218

27

Glu Gln Asn Gln Trp Arg Ser Ala Arg Glu Ala Val Glu Asp Pro Lys
 945 2950 2955 2960

Phe Trp Glu Met Val Asp Glu Glu Arg Glu Ala His Leu Arg Gly Glu
 2965 2970 2975

Cys His Thr Cys Ile Tyr Asn Met Met Gly Lys Arg Glu Lys Lys Pro
 2980 2985 2990

Gly Glu Phe Gly Lys Ala Lys Gly Ser Arg Ala Ile Trp Phe Met Trp
 2995 3000 3005

Leu Gly Ala Arg Phe Leu Glu Phe Glu Ala Leu Gly Phe Leu Asn Glu
 3010 3015 3020

Asp His Trp Leu Gly Arg Lys Asn Ser Gly Gly Gly Val Glu Gly Leu
 025 3030 3035 3040

Gly Leu Gln Lys Leu Gly Tyr Ile Leu Arg Glu Val Gly Thr Arg Pro
 3045 3050 3055

Gly Gly Lys Ile Tyr Ala Asp Asp Thr Ala Gly Trp Asp Thr Arg Ile
 3060 3065 3070

Thr Arg Ala Asp Leu Glu Asn Glu Ala Lys Val Leu Glu Leu Leu Asp
 3075 3080 3085

Gly Glu His Arg Arg Leu Ala Arg Ala Ile Ile Glu Leu Thr Tyr Arg
 3090 3095 3100

His Lys Val Val Lys Val Met Arg Pro Ala Ala Asp Gly Arg Thr Val
 105 3110 3115 3120

Met Asp Val Ile Ser Arg Glu Asp Gln Arg Gly Ser Gly Gln Val Val
 3125 3130 3135

Thr Tyr Ala Leu Asn Thr Phe Thr Asn Leu Ala Val Gln Leu Val Arg
 3140 3145 3150

Met Met Glu Gly Glu Gly Val Ile Gly Pro Asp Asp Val Glu Lys Leu
 3155 3160 3165

Thr Lys Gly Lys Gly Pro Lys Val Arg Thr Trp Leu Phe Glu Asn Gly
 3170 3175 3180

Glu Glu Arg Leu Ser Arg Met Ala Val Ser Gly Asp Asp Cys Val Val
 185 3190 3195 3200

Lys Pro Leu Asp Asp Arg Phe Ala Thr Ser Leu His Phe Leu Asn Ala
 3205 3210 3215

Met Ser Lys Val Arg Lys Asp Ile Gln Glu Trp Lys Pro Ser Thr Gly
 3220 3225 3230

Trp Tyr Asp Trp Gln Gln Val Pro Phe Cys Ser Asn His Phe Thr Glu
 3235 3240 3245

2823218

28

Leu Ile Met Lys Asp Gly Arg Thr Leu Val Val Pro Cys Arg Gly Gln
3250 3255 3260

Asp Glu Leu Val Gly Arg Ala Arg Ile Ser Pro Gly Ala Gly Trp Asn
265 3270 3275 3280

Val Arg Asp Thr Ala Cys Leu Ala Lys Ser Tyr Ala Gln Met Trp Leu
3285 3290 3295

Leu Leu Tyr Phe His Arg Arg Asp Leu Arg Leu Met Ala Asn Ala Ile
3300 3305 3310

Cys Ser Ala Val Pro Val Asn Trp Val Pro Thr Gly Arg Thr Thr Trp
3315 3320 3325

Ser Ile His Ala Gly Gly Glu Trp Met Thr Thr Glu Asp Met Leu Glu
3330 3335 3340

Val Trp Asn Arg Val Trp Ile Glu Glu Asn Glu Trp Met Glu Asp Lys
345 3350 3355 3360

Thr Pro Val Glu Lys Trp Ser Asp Val Pro Tyr Ser Gly Lys Arg Glu
3365 3370 3375

Asp Ile Trp Cys Gly Ser Leu Ile Gly Thr Arg Ala Arg Ala Thr Trp
3380 3385 3390

Ala Glu Asn Ile Gln Val Ala Ile Asn Gln Val Arg Ala Ile Ile Gly
3395 3400 3405

Asp Glu Lys Tyr Val Asp Tyr Met Ser Ser Leu Lys Arg Tyr Glu Asp
3410 3415 3420

Thr Thr Leu Val Glu Asp Thr Val Leu
425 3430

<210> 3
<211> 37
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<220>
<223> Description de la séquence artificielle:AMORCE
OLIGONUCLEOTIDIQUE

<400> 3
tagcacgaag aattcgatgt ctaagaaacc aggaggg

37

<210> 4
<211> 50
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<220>

2823218

29

<223> Description de la séquence artificielle:AMORCE
OLIGONUCLEOTIDIQUE

<400> 4
aagttagccc gggttaatgc tcctacgctg gcgatcaggc caatcaggac

50



2823218

RAPPORT DE RECHERCHE PRÉLIMINAIRE

établi sur la base des dernières revendications
déposées avant le commencement de la recherche

N° d'enregistrement
national

FA 606115
FR 0104599

DOCUMENTS CONSIDÉRÉS COMME PERTINENTS		Revendication(s) concernée(s)	Classement attribué à l'invention par l'INPI
Catégorie	Citation du document avec indication, en cas de besoin, des parties pertinentes		
X	JIA X-Y X-Y ET AL: "Genetic analysis of West Nile New York 1999 encephalitis virus" LANCET, XX, XX, vol. 354, no. 9194, 4 décembre 1999 (1999-12-04), pages 1971-1972, XP004262933 ISSN: 0140-6736 * le document en entier *	1,2,4-8, 11,14-16	C12N7/00 C12N15/40 C12N15/85 C12N5/10 C07K14/18 C07K16/10 C12Q1/68 C12Q1/70 G01N33/569
X	LANCIOTTI R S ET AL: "Origin of the West Nile virus responsible for an outbreak of encephalitis in the northeastern United States." SCIENCE (WASHINGTON D C), vol. 286, no. 5448, 17 décembre 1999 (1999-12-17), pages 2333-2337, XP002191029 ISSN: 0036-8075 * le document en entier *	1,2,4-8, 11,14-16	
X	ANDERSON JOHN F ET AL: "Isolation of West Nile virus from mosquitoes, crows, and a Cooper's hawk in Connecticut." SCIENCE (WASHINGTON D C), vol. 286, no. 5448, 17 décembre 1999 (1999-12-17), pages 2331-2333, XP002191030 ISSN: 0036-8075 * le document en entier *	1,2,4-8, 11,14-16	DOMAINES TECHNIQUES RECHERCHÉS (Int.CL.7) C07K
-/--			
Date d'achèvement de la recherche		Examineur	
21 février 2002		Panzica, G	
CATÉGORIE DES DOCUMENTS CITÉS		T : théorie ou principe à la base de l'invention E : document de brevet bénéficiant d'une date antérieure à la date de dépôt et qui n'a été publié qu'à cette date de dépôt ou qu'à une date postérieure. D : cité dans la demande L : cité pour d'autres raisons & : membre de la même famille, document correspondant	
X : particulièrement pertinent à lui seul Y : particulièrement pertinent en combinaison avec un autre document de la même catégorie A : arrière-plan technologique O : divulgation non-écrite P : document intercalaire			



2823218

RAPPORT DE RECHERCHE PRÉLIMINAIRE

établi sur la base des dernières revendications
déposées avant le commencement de la recherche

N° d'enregistrement
national

FA 606115
FR 0104599

DOCUMENTS CONSIDÉRÉS COMME PERTINENTS		Revendication(s) concernée(s)	Classement attribué à l'invention par l'INPI
Catégorie	Citation du document avec indication, en cas de besoin, des parties pertinentes		
A	WENGLER G ET AL: "AN ANALYSIS OF THE ANTIBODY RESPONSE AGAINST WEST NILE VIRUS E PROTEIN PURIFIED BY SDS-PAGE INDICATES THAT THIS PROTEIN DOES NOT CONTAIN SEQUENTIAL EPITOPES FOR EFFICIENT INDUCTION OF NEUTRALIZING ANTIBODIES" JOURNAL OF GENERAL VIROLOGY, READING, BERKS, GB, vol. 70, no. 4, 1989, pages 987-992, XP001050460 ISSN: 0022-1317 * le document en entier *	1-17	
A	DATABASE WPI Section Ch, Week 198505 Derwent Publications Ltd., London, GB; Class B04, AN 1985-030641 XP002191031 & SU 1 102 605 A (NIKOLAEV V P), 15 juillet 1984 (1984-07-15) * abrégé *	1-17	
			DOMAINES TECHNIQUES RECHERCHÉS (Int.CL.7)
Date d'achèvement de la recherche		Examineur	
21 février 2002		Panzica, G	
CATÉGORIE DES DOCUMENTS CITÉS			
<p>X : particulièrement pertinent à lui seul Y : particulièrement pertinent en combinaison avec un autre document de la même catégorie A : arrière-plan technologique O : divulgation non-écrite P : document intercalaire</p> <p>T : théorie ou principe à la base de l'invention E : document de brevet bénéficiant d'une date antérieure à la date de dépôt et qui n'a été publié qu'à cette date de dépôt ou qu'à une date postérieure. D : cité dans la demande L : cité pour d'autres raisons & : membre de la même famille, document correspondant</p>			

2823218

**ANNEXE AU RAPPORT DE RECHERCHE PRÉLIMINAIRE
RELATIF A LA DEMANDE DE BREVET FRANÇAIS NO. FR 0104599 FA 606115**

La présente annexe indique les membres de la famille de brevets relatifs aux documents brevets cités dans le rapport de recherche préliminaire visé ci-dessus.
Les dits membres sont contenus au fichier informatique de l'Office européen des brevets à la date du 21-02-2002
Les renseignements fournis sont donnés à titre indicatif et n'engagent pas la responsabilité de l'Office européen des brevets, ni de l'Administration française

Document brevet cité au rapport de recherche		Date de publication	Membre(s) de la famille de brevet(s)	Date de publication
SU 1102605	A	15-07-1984	SU 1102605 A1	15-07-1984

EPO FORM P0465

Pour tout renseignement concernant cette annexe : voir Journal Officiel de l'Office européen des brevets, No.12/82